Résultats de la sélection des parents en vue de la deuxième génération d'amélioration du mélèze hybride (*L.* x *marschlinsii* Coaz.) au Québec

Mémoire de recherche forestière n° 157
Direction de la recherche forestière

par

Martin Perron

Québec

Résultats de la sélection des parents en vue de la deuxième génération d'amélioration du mélèze hybride (*L.* x *marschlinsii* Coaz.) au Québec

Mémoire de recherche forestière n° 157

par

Martin Perron, biologiste, *Ph. D.*

Gouvernement du Québec
Ministère des Ressources naturelles et de la Faune
Direction de la recherche forestière
2010

Mandat de la DRF

La Direction de la recherche forestière (DRF) a pour mandat de participer activement à l'amélioration de la pratique forestière au Québec en réalisant des travaux, principalement à long terme et d'envergure provinciale, qui intègrent des préoccupations de recherche fondamentale et appliquée. Elle subventionne aussi des recherches universitaires à court ou à moyen terme. Ces recherches, importantes pour le ministère des Ressources naturelles et de la Faune (MRNF), sont complémentaires aux travaux de la DRF ou réalisées dans des créneaux où elle ne s'implique pas. Elle contribue à la diffusion de nouvelles connaissances, d'avis et de conseils scientifiques et à l'intégration de ces nouvelles connaissances ou savoir-faire à la pratique forestière.

Les mémoires de recherche forestière de la DRF

Depuis 1970, chacun des Mémoires de recherche forestière de la DRF est révisé par un comité *ad hoc* formé d'au moins trois experts indépendants. Cette publication est produite et diffusée à même les budgets de recherche et de développement, comme autant d'étapes essentielles à la réalisation d'un projet ou d'une expérience. Ce document à tirage limité est également disponible dans notre site Internet en format pdf.

Vous pouvez adresser vos demandes à :

Ministère des Ressources naturelles et de la Faune
Direction de la recherche forestière
2700, rue Einstein, Québec (Québec)
Canada, G1P 3W8
Courriel : recherche.forestiere@mrnf.gouv.qc.ca
Internet : www.mrnf.gouv.qc.ca/forets/connaissances/recherche

© Gouvernement du Québec
On peut citer ce texte en indiquant la référence.

Toutes les publications produites par la Direction de la recherche forestière, du ministère des Ressources naturelles et de la Faune, sont protégées par les dispositions de la Loi sur le droit d'auteur, les lois, les politiques et les règlements du Canada, ainsi que par des accords internationaux. Il est interdit de reproduire, même partiellement, ces publications sans l'obtention préalable d'une permission écrite.

ISBN : 978-2-550-58304-2
ISBN (PDF) : 978-2-550-58305-9
F.D.C. 165
L.C. 399.5

Notes biographiques

Martin Perron est biologiste, diplômé de l'Université de Sherbrooke depuis 1993. En 1999, il obtient un doctorat en sciences forestières de l'Université Laval. Depuis 2001, il est chercheur à la Direction de la recherche forestière. Ses travaux portent sur l'amélioration génétique des mélèzes, l'étude génétique des propriétés du bois et la sélection assistée par marqueurs.

Remerciements

Nous remercions tout le personnel du ministère des Ressources naturelles et de la Faune qui a été impliqué lors des diverses étapes du programme et notamment les initiateurs du programme d'amélioration génétique des mélèzes introduits, soit MM. Gilles Vallée et Ante Stipanicic. Nous tenons à souligner, plus particulièrement, la contribution de M. Gaston Lapointe comme technicien responsable de ce programme depuis plus de 25 ans, ainsi que son travail pendant la sélection des arbres constituant les populations d'amélioration de la seconde génération. Nous remercions aussi Mme Monique Pelletier (MRNF) pour son travail d'identification des espèces pures à l'aide d'empreintes génétiques. En plus, nous sommes reconnaissant envers Mmes Marie-Claude Gros-Louis et Nathalie Isabel pour le support technique et l'accès au laboratoire du SCF lors de la certification moléculaire de nos arbres. Nous témoignons également notre reconnaissance envers Mmes Josiane Deblois et Lise Charrette de leur apport en statistique et programmation, de même que pour la programmation de macro-procédures. Nous remercions également M. Guy Prégent d'avoir fourni ses programmes SAS 1) de calcul d'indice de qualité de station et 2) d'estimation de la production des plantations de mélèzes. Nous tenons à mentionner l'apport de la compagnie *Canadian International Paper* à l'établissement de plantations comparatives de mélèzes introduits à Harrington et Batiscan, lesquelles nous ont été utiles pour compléter nos groupes d'élevage de mélèze du Japon. La compagnie Smurfit-Stone Canada inc. collabore avec nous pour le test de Vallière. Les plantations de Batiscan et de Vallière ne seraient pas ce qu'elles sont aujourd'hui, sans la détermination et l'esprit visionnaire de M. André Dion, l'un des pionniers québécois de l'utilisation du genre *Larix* pour le reboisement. Nous devons également signaler la contribution essentielle de nos collègues de plusieurs organismes de recherche d'où proviennent nos éléments génétiques de mélèze introduits et spécialement ceux du Service canadien des forêts. Nous remercions aussi les deux réviseurs externes pour leurs commentaires constructifs, M. Mohammed S. Lamhamedi à titre de responsable du processus de révision scientifique, ainsi que Mme Mireille Desponts pour ses commentaires préalables à la version finale. Nous remercions également M. Pierre Bélanger pour la révision et l'édition et Mmes Sylvie Bourassa et Suzanne Mailloux pour la mise en page du texte. Finalement, le programme d'amélioration génétique des mélèzes introduits n'existerait pas sans l'appui financier constant du MRNF (Terres et Forêts et autres dénominations).

Résumé

Ce mémoire de recherche présente les résultats de la sélection des parents (80 par espèce parentale) des populations d'élevage des mélèzes d'Europe (*Larix decidua* Mill., MEE) et du Japon (*L. kaempferi* [Lamb.] Carrière, MEJ), ainsi que les résultats de la sélection des 40 parents de la nouvelle population de production de semences hybrides, du ministère des Ressources naturelles et de la Faune. Les espèces et les variétés de mélèzes introduites sont décrites brièvement, ainsi que l'historique du programme d'amélioration génétique traditionnelle des mélèzes introduits au Québec. L'objectif du programme de cette deuxième génération est d'augmenter le volume et la qualité du bois du mélèze hybride (*L.* x *marschlinsii* Coaz.). Pour ce faire, des parents des deux espèces parentales (MEE et MEJ) ont été sélectionnés par rapport à la croissance et à des caractères indirects qui influencent la qualité du bois. Les données de 25 dispositifs expérimentaux ont été réanalysées et certaines seront exposées. Les 80 parents de la population d'élevage de MEE de la seconde génération ont été retenus parmi près de 24 000 arbres-candidats (0,33 %). Ils sont issus de 42 éléments génétiques parmi les 280 testés, soit 15 %. La population d'élevage de MEJ de la seconde génération (80 parents) a été constituée à l'aide de 24 éléments génétiques, soit 17,5 % des éléments génétiques testés (137). Pour ce qui est du MEJ, la population d'élevage de la seconde génération constitue 0,38 % des arbres-candidats (plus de 20 700). Les descendants de la population de production des 20 MEE auront une très bonne rectitude du tronc (RT) à l'âge de 14 ans (12 ans en plantation), soit un taux de rectitude du tronc acceptable (droit ou légèrement flexueux) de 0,93. Le gain génétique prédit moyen en hauteur totale (HT) des descendants des 20 MEE présente une hausse de 8,8 % à l'âge de 14 ans. C'est pourquoi, le gain en volume marchand (VM) d'un espacement de 2 m x 3 m atteint environ 15 %, autant à 30 ans qu'à 45 ans. Par contre, les gains de la population de production de MEJ (20 parents) sont plus faibles, les hausses sont de 3,9 % en HT à l'âge de 11 ans et d'environ 5,5 % en VM, autant à 30 ans qu'à 45 ans. Il en est également de même de la RT, puisque seulement 65 % des descendants des 20 MEJ auront une RT acceptable à l'âge de 10 ans.

Abstract

*This research paper presents the results of the selection of parents (80 per parental species) of European (*Larix decidua *Mill., EL) and Japanese (*L. kaempferi *[Lamb.] Carrière, JL) larch breeding populations, and the results of the selection of 40 parents from the new hybrid seed propagation population from the* ministère des Ressources naturelles et de la Faune. *The species and varieties of larch are briefly introduced, as well as the history of the traditional breeding program of larch introduced in Québec. The objective of this second generation program is to increase the volume and wood quality of hybrid larches (*L. x marschlinsii *Coaz.). To do this, parents of both parental species (EL and JL) were selected based on growth and indirect characteristics influencing wood quality.*

Data from 25 experiments have been reanalyzed and some will be stated. The 80 parents from the breeding population of second generation EL were selected from among nearly 24,000 tree candidates (0.33%). They originate from 42 genetic elements among the 280 tested, or 15%. The second generation JL breeding population (80 parents) was formed by using 24 genetic elements, or 17.5% of the genetic elements tested (137). With regards to the JL, the second generation breeding population represents 0.38% of candidate trees (over 20,700). The descendants of the 20 EL propagation population will have a very good stem straightness (SS) at the age of 14 (12 in plantation), which is an acceptable stem straightness rate (straight or slightly flexuous) of 0.93. The predicted average genetic gain in total height (TH) of the 20 EL descendants shows a 8.8% increase at age 14. Thus, the gain in merchantable volume (MV) of a 2 m x 3 m spacing reaches approximately 15%, as much at age 30 as at age 45. However, gains in JL propagation population (20 parents) are lower, with an increase of 3.9% in TH at age 11 and approximately 5.5% in MV, as much at age 30 as at age 45. This is also true of the SS, as only 65% from the 20 JL descendants will have an acceptable SS at age 10.

Table des matières

page

Remerciements ... iii

Résumé ... v

Abstract ... vii

Liste des tableaux ... xi

Liste des figures ... xiii

Liste des abréviations utilisées ... xv

Introduction ... 1

Chapitre premier – Matériels et méthodes ... 5

1.1 Sélection des populations d'élevage ... 5

1.2 Sélection des populations de production ... 5

1.3 Sélection des éléments génétiques et classification *a priori* des arbres-candidats ... 5

1.3.1 Série de 1972-73, série de 1977-78 et série de 1980 ... 5

1.3.2 Série de 1974 ... 12

1.3.3 VRO69384 (2b-T) et LAR84988 (4f-T) ... 13

1.3.4 LAR85088 (4f-T) ... 13

1.3.5 MSO18595 (3c-T) ... 13

1.3.6 HAR30998 (3b-M) et VLL31198 (3c-T) ... 13

1.3.7 VRO85188 (2b-T) ... 14

1.3.8 BAT00080 (2b-T) ... 14

1.3.9 En résumé ... 14

1.4 Paramétres génétiques ... 14

1.4.1 Estimation de l'héritabilité de la hauteur totale ... 14

1.4.2 Estimation de l'héritabilité de la rectitude du tronc ... 15

1.4.3 Estimation de l'erreur-type des héritabilités individuelle et familiale au sens strict et du paramétre PH^2 ... 16

1.5 Gain génétique prédit ... 16

1.5.1 Populations d'élevage de la seconde génération ... 17

1.5.2 Populations de production de la seconde génération ... 17

1.6 Estimation du gain génétique prédit en volume marchand des populations de production de la seconde génération ... 17

page

Chapitre deux - Résultats 19

2.1 Statistiques descriptives 19

2.1.1 MEJ 19

2.1.2 MEE 19

2.2 Sélection des éléments génétiques et des AS 19

2.2.1 Population d'élevage de MEJ 19

2.2.1.1 Série de 1972-73 (3 AS / 1 prov. / 5 prov.) 19

2.2.1.2 Série de 1977-78 (2 AS / 1 desc. / 3 desc.) 19

2.2.1.3 Série de 1980 (0 AS / 1 prov. / 8 prov.) 22

2.2.1.4 MSO18595 (1 AS / 1 fam. / 4 fam.) 22

2.2.1.5 HAR30998 (3 AE / 12 AE) 22

2.2.1.6 VLL31198 (1 AE / 7 AE) 22

2.2.1.7 BAT00080 (47 AS / 11 prov. / 32 prov. et 24 AS / 9 desc. / 47 desc.) 22

2.2.2 Population d'élevage de MEE 22

2.2.2.1 Série de 1974 (14 AS / 4 desc. / 36 desc.) 22

2.2.2.2 Série de 1977-78 (11 AS / 3 desc. / 8 desc.) 23

2.2.2.3 VRO69384 (15 AS / 12 desc. / 87 desc.) 23

2.2.2.4 LAR84988 (33 AS / 20 desc. / 153 desc.) 23

2.2.2.5 LAR85088 (3 AS / 1 desc. / 15 desc.) 23

2.2.2.6 VRO85188 (4 clones sélectionnés / 130 CL / 16 desc.) 23

2.2.3 Gain génétique prédit moyen des populations d'élevage de la seconde génération 23

2.2.4 Gain génétique prédit moyen des populations de production de la seconde génération 24

Chapitre trois - Discussion 25

3.1 Sélection et gain génétique prédit de la population d'élevage de MEJ 25

3.2 Sélection et gain génétique prédit de la population d'élevage de MEE 25

3.3 La variété hybride 20-20 de MEH et ses populations de production 26

Conclusion 29

Références bibliographiques 31

Annexe I. Liste des 80 *Larix kaempferi* formant la population d'amélioration de la seconde génération 35

Annexe II. Liste des 80 *Larix decidua* formant la population d'amélioration de la seconde génération 39

Liste des tableaux

page

Tableau 1. Description des tests interspécifiques de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques 6

Tableau 2. Description des tests de descendances, du test de clones et du test de provenances et descendances de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques 8

Tableau 3. Statistiques descriptives des tests et des MEJ sélectionnés, et quelques paramètres génétiques des populations d'évaluation utilisés pour constituer la population de production 20

Tableau 4. Statistiques descriptives des tests et des MEE sélectionnés, et quelques paramètres génétiques des populations d'évaluation utilisés pour constituer la population de production 21

Liste des figures

page

Figure 1. Localisation des arboretums et des tests de MEJ utilisés pour la sélection des éléments génétiques 10

Figure 2. Localisation des arboretums et des tests de MEE utilisés pour la sélection des éléments génétiques 11

Liste des abréviations utilisées

AAM = accroissement annuel moyen

AE = arbre-élite

AMT = après la mise en terre

AS = arbre sélectionné

BAT = Batiscan

BON = Bonaventure

DAB = Dablon

HAR = Harrington

HT= hauteur totale

HTM = hauteur totale moyenne

IQS = indice de qualité de station

LAR = Laroche

LOT = Lotbinière

MAP = Matapédia

MAS = Mastigouche

MEE = mélèze d'Europe

MEJ = mélèze du Japon

MEH = mélèze hybride

MSO = Masson

PAR = Park

PAT = La Patrie

RT = rectitude du tronc

TRTAC = taux de rectitude du tronc acceptable

VER = Verchères

VLL = Vallière

VRO = Villeroy

Introduction

Larix

Le genre *Larix* est composé d'une dizaine d'essences, de lumière et à feuilles caduques, réparties dans les régions les plus froides de l'hémisphère Nord (Farrar 1995). Certaines de ces essences sont particulièrement intéressantes pour la sylviculture intensive au Québec, compte tenu de leur croissance rapide et de leur rendement élevé (Stipanicic 1999). En effet, l'accroissement annuel moyen maximal des mélèzes est atteint avant l'âge de 30 ans et la production peut dépasser 6 $m^3 ha^{-1} an^{-1}$. En Amérique du Nord, plusieurs études ont révélé que les espèces introduites du genre *Larix* ont une croissance supérieure par rapport aux autres conifères indigènes (Hall 1983, Einspahr *et al.* 1984). Dans la majorité des cas, le potentiel des espèces introduites découle du fait que la différence de croissance et de rendement est habituellement plus marquée entre les espèces qu'à l'intérieur de ces dernières (Wright 1976). Aussi, les différences qui existent entre les provenances d'une espèce sont souvent plus évidentes lorsqu'elles croissent à titre d'espèce introduite (Zobel et Talbert 1991). Les *Larix* poussent en général dans divers types de sols, mais préfèrent les stations sèches (Farrar 1995). Ils sont également, parmi les arbres, ceux ayant la plus longue saison de croissance. Effectivement, ils sont les premiers à amorcer leur débourrement au printemps et les derniers à entrer en dormance à l'automne (Robbins 1985).

Le mélèze hybride

Au début du XX^e siècle, des individus hybrides de mélèzes d'Europe (*Larix decidua* Mill., MEE) et du Japon (*L. kaempferi* [Lamb.] Carrière, MEJ) ont été découverts pour la première fois dans une pépinière de Dunkeld en Écosse (Henry et Flood 1919 dans Pâques 1989). À la suite de la découverte de cette hybridation spontanée, un grand nombre de descendances de mélèze hybride (*L.* x *marschlinsii* Coaz., MEH) ont été élaborées et évaluées par divers organismes de recherche (Pâques 1989, Li et Wyckoff 1994). Bien que d'autres variétés de mélèze hybride existent, il faut noter que, dans la suite de ce texte, les termes MEH et hybride se rapportent uniquement à l'hybride de MEE et de MEJ, indifféremment de la direction du croisement. D'ailleurs la nouvelle nomenclature identifie, *L. marschlinsii* comme les descendants du croisement de ces deux espèces parentales; employées comme mâle ou femelle (Tousignant et Stipanicic 2000). La supériorité de croissance du MEH par rapport à ses parents (hétérosis) est la caractéristique du MEH pour laquelle on retire le plus grand bénéfice en matière d'amélioration génétique et de sylviculture appliquée. Par exemple, Ferrand et Bastien (1985 dans Philippe et Baldet 1992) rapportent de l'hétérosis chez le MEH pour l'accroissement annuel moyen (AAM), puisque ce dernier était de 16,7 $m^3 ha^{-1} an^{-1}$ 26 ans après la mise en terre comparativement à 12,8 et 10,3 pour le MEJ et le MEE. L'hybride montre aussi d'autres qualités d'intérêt, notamment la rectitude du tronc, les caractéristiques du bois et la résistance aux maladies (Robbins 1985). Deret et Keller (1979 dans Bastien et Keller 1980), dans une étude sur les caractéristiques du bois de *L. marschlinsii* et de ses parents à l'âge de 15 ans, poussant sur un même site, arrivent aux principales conclusions suivantes pour l'hybride : 1) son bois est plus hétérogène (plus grande variation de la densité à l'intérieur d'un cerne), 2) sa rétractabilité volumétrique (9,4 %) est intermédiaire comparée à celle de ses parents (8,2-9,6 %), 3) et enfin, par rapport à ses parents, ses propriétés mécaniques du bois sont meilleures et plus élevées (contraintes de ruptures en flexion statique [832 kg/cm^2] et en compression axiale [436 kg/cm^2], module d'élasticité apparent en flexion statique [95 166 kg/cm^2]). D'autre part, le MEH bénéficie d'une meilleure uniformité de croissance que celle des descendances intraspécifiques de ses parents, et cela est reconnu comme un avantage en sa faveur (Lacaze et Birot 1974). Au Québec, c'est le mélèze hybride qui est le plus productif du genre *Larix* (Stipanicic 1999), tout comme en Europe et aux État-Unis (Bastien et Keller 1980, Einspahr *et al.* 1983). De ce fait, il est le plus convoité des *Larix* pour le reboisement des sites situés au sud de la sapinière à bouleau blanc.

Les mélèzes d'Europe et du Japon

L'utilisation de mélèzes d'Europe et du Japon de qualité est capitale pour la production de MEH amélioré. Le MEE est une espèce de montagne dont la distribution naturelle est limitée et fragmentée, mais largement répartie à travers l'Europe

(Vidaković 1991, Bergès et Chevalier 2001). Les variétés d'hybrides bénéficieront surtout des propriétés de son bois et de sa résistance au gel (Bastien et Keller 1980, Fowler *et al.* 1988). La distribution naturelle du MEJ est concentrée sur quelques milliers d'hectares de l'île d'Hondo au Japon (Bergès et Chevalier 2001). Le MEJ se retrouve strictement en montagne entre 600 et 2 500 m d'altitude sur des sols bien drainés (Vidaković 1991). Sa vigueur de croissance juvénile et sa résistance au chancre du mélèze (*Lachnellula willkommii*) sont les attributs majeurs qu'il devrait léguer aux variétés d'hybrides (Bastien et Keller 1980, Fowler *et al.* 1988). De plus, le MEJ est plus résistant à la rouille des aiguilles (*Mycosphaerella laricina*) (Ostry *et al.* 1991).

Programme d'amélioration génétique traditionnelle du mélèze hybride au Québec

Le programme d'amélioration génétique des mélèzes a débuté en 1970 et avait comme but d'élargir l'utilisation des espèces et des hybrides du genre *Larix* au Québec (Stipanicic 1975). De 1974 à 2003, 59 000 semis de MEH ont été mis en terre dans 47 plantations comparatives réparties dans cinq domaines bioclimatiques du Québec méridional. Ces plants constituent les 386 éléments génétiques de MEH testés. L'élément génétique est l'unité de base qui est testée et pour laquelle on recherche l'information. Par exemple, l'élément génétique peut représenter une provenance, une descendance ou un clone. Avant 1984, nos éléments génétiques de MEH provenaient d'autres organismes de recherche et leurs principales utilités étaient de vérifier leur adaptation et leur potentiel de rendement sous nos conditions bioclimatiques. Par la suite, soit de 1984 à 2005, 534 croisements dirigés ont été effectués à l'aide de 112 parents de MEE et 72 parents de MEJ pour créer des *L. marschlinsii*. Seulement neuf plantations, totalisant 270 descendances, ont pu être établies, en raison du faible nombre de semences viables obtenues.

Nouvelle stratégie d'amélioration génétique du MEH au Québec

Le processus de sélection rapporté dans ce mémoire servira à la mise en place d'une nouvelle stratégie d'amélioration génétique du MEH au Québec. Il est impératif de mentionner que cette nouvelle stratégie a déjà été publiée dans la revue scientifique Silvae Genetica (Perron 2008). Elle est brièvement reprise ici en français dans un contexte différent, pour le bénéfice de nos collaborateurs francophones.

Notre stratégie d'amélioration génétique du MEH et de ses espèces parentales (MEE, MEJ) a été revue et corrigée en fonction des acquis du programme, des besoins actuels et à venir de la foresterie québécoise et des connaissances de l'heure en génétique. C'est pourquoi, la sélection récurrente réciproque par devant sera mise en place pour la seconde génération. Cette stratégie implique que des croisements intra et interspécifiques de chacune des espèces parentales (MEE et MEJ), destinés à déterminer l'aptitude générale à la combinaison et à l'hybridation, soient produits au début du cycle.

Les groupes d'élevage du second cycle d'amélioration génétique du MEH seront formés à partir de 80 arbres sélectionnés (AS), pour chacune des espèces parentales (MEE et MEJ). D'abord, il y aura une application de deux mélanges de plusieurs pollens (polymix d'environ 40 pollens par espèce parentale) sur l'ensemble des 160 AS. Puis, les 320 descendances uniparentales (160 intraspécifiques et 160 interspécifiques) ainsi produites seront évaluées sur huit stations forestières différentes, de trois domaines bioclimatiques (érablière à bouleau jaune, sapinière à bouleau jaune et sapinière à bouleau blanc). L'association d'un tel plan de croisements à des tests de descendances multisites permet d'identifier les individus les mieux adaptés à la reproduction de masse. Ces individus fourniront les semences qui produiront les plants pour le reboisement d'une grande gamme de conditions bioclimatiques.

Environ 40 900 plants devront être produits pour la seconde génération, ce qui est approximativement dix fois moins que pour la première génération (+ 420 000 plants). De cette façon, plus de ressources pourront être allouées à la collecte des données des plantations comparatives du second cycle d'amélioration; notamment pour des analyses directes de diverses caractéristiques du bois.

Finalement, le transfert des résultats vers les opérations de reboisement se fera tout au long du second cycle d'amélioration, soit après la sélection de la population de production de seconde génération et par la suite selon les résultats de 5 et 10 ans des diverses expériences (voir Perron 2008 pour les détails).

Finalité de ce mémoire

L'amélioration génétique traditionnelle des arbres est une démarche récurrente (cycle) de sélection, de plantation comparative, de sélection avancée, de recommandation d'éclaircie de vergers, de même que de la réalisation de croisements dirigés (White *et al.* 2007). Le but de ce mémoire est de

présenter la démarche et les résultats de la dernière étape du premier cycle d'amélioration du MEH au Québec, soit la sélection des populations d'élevage et de production des deux espèces parentales. Cette sélection a été faite à l'aide d'une réanalyse des populations d'évaluation de la première génération.

Chapitre premier

Matériels et méthodes

1.1 Sélection des populations d'élevage

Deux grandes classes de plantations comparatives ont été réanalysées pour la sélection des populations d'élevage, soit les tests interspécifiques (Tableau 1) et les tests de descendances uniparentales, de même qu'un test de clones (Tableau 2). Toutefois, nous n'avons pas de tests de provenances/descendances, c'est-à-dire une plantation comparative où chaque provenance est constituée de plusieurs descendances, mais bien des tests composés de provenances et de descendances sans lien entre elles. Pour ces nouvelles analyses, plusieurs tests du programme n'ont pas été retenus en raison, par exemple, d'un taux de mortalité trop élevé ou de la piètre performance des éléments génétiques. Les plantations comparatives constituées uniquement de MEH ont également été mises de côté. Un total de 25 plantations comparatives (Figures 1 et 2; plus de 40 000 plants mis en terre) ont servi pour la sélection des descendances ou des provenances (13 pour le MEE et 18 pour le MEJ), alors que 12 d'entre elles ont servi à la sélection d'arbres. Lorsque c'était possible, la sélection d'arbres à l'intérieur d'une descendance ou d'une provenance était effectuée dans plus d'un domaine bioclimatique. La sélection des éléments génétiques a été effectuée, d'abord en prenant compte la performance de croissance en hauteur totale selon les données disponibles, soit 9, 10 ou 15 ans après la mise en terre. Il faut souligner que l'amélioration de la forme des arbres est la façon la plus facile et la plus rapide de parfaire les propriétés du bois (Zobel et Jett 1995). Par exemple, les arbres dont l'angle des branches est faible, s'élaguent moins bien, ont de gros nœuds et davantage de bois de réaction que les arbres dont l'angle des branches est supérieur (Bailey *et al.* 1974). Une sélection massale (basée sur ce qui est observable) a ensuite été effectuée à l'aide des caractères de rectitude du tronc, de qualité de la cime (grosseur des branches, angle des branches, nombre de branches) et de résistance aux maladies (absence de dégât). Afin de faciliter le travail de terrain, un classement *a priori* des arbres-candidats a été obtenu à l'aide d'un indice sur la hauteur totale (détails dans la section 1.3) du dernier mesurage et en ne retenant que les individus dont le tronc était droit ou légèrement flexueux. Qui plus est, le rapport hauteur totale sur diamètre (HT [cm]/ DHP [cm]) des arbres sélectionnés devait être inférieur à 100. Avant la sélection finale des 80 parents par espèce parentale, quelques arbres-candidats ont été exclus à l'aide de marqueurs moléculaires propres aux espèces (Achéré *et al.* 2004, Gros-Louis *et al.* 2005). En effet, il s'agissait d'individus hybrides. Finalement, les éléments génétiques seront représentés par un maximum de 4 AS, à l'exception de cinq provenances de MEJ non représentées par des descendances (max. 6 AS).

1.2 Sélection des populations de production

Les populations de production constituent un sous-ensemble des populations d'élevage. Ainsi, l'intensité de sélection et les gains génétiques y sont plus grands. En effet, 20 MEE et 20 MEJ seront employés comme parents en comparaison des 80 AS par espèce parentale dans les populations d'élevage. Il s'agit des meilleurs phénotypes de chacune des espèces parentales. Afin de limiter les liens de parenté et de maintenir la diversité génétique de la population de production, un maximum de deux AS par élément génétique a été conservé. Les AS des deux espèces parentales ont été retenus dans les plantations comparatives pourvues du plus grand nombre d'éléments génétiques, à l'exception des tests HAR30998 (arbre-élite MEJ; Tableau 1) et VRO85188 (test de clones de MEE; Tableau 2). De cette façon, les estimations de gain génétique prédit et de productivité sont le plus fiables possibles.

1.3 Sélection des éléments génétiques et classification *a priori* des arbres-candidats

1.3.1 Série de 1972-73, série de 1977-78 et série de 1980

Plusieurs de nos éléments génétiques de MEE et MEJ destinés à déterminer le potentiel et l'adaptabilité des mélèzes introduits sont présents seulement dans nos premières séries de tests interspécifiques du réseau d'arboretum. Afin de ne pas éliminer ces éléments génétiques sur cette base, des analyses indépendantes ont été effectuées à l'intérieur de ces séries de tests pour le MEE et le MEJ, même si ce n'était pas l'idéal. Nos tests sont identifiés par les trois éléments suivants : 1) l'abréviation du canton, 2) un numéro séquentiel de trois chiffres et 3) finalement l'année d'implantation du test (deux derniers chiffres).

Tableau 1. Description des tests interspécifiques de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques

N° du test*	Latitude	Longitude	Domaine bioclimatique et sous-région écologique	Taxa	Nbre desc.	Nbre prov.	Nbre de plants par répétition	Nbre de répétition
Série de 1972-73								
BON14073	48° 10' 51"	65° 20' 41"	Sapinière à bouleau jaune, 4g-T					
				L. decidua		2	56	3
				L. kaempferi		5	56	3
PAR15273	47° 32' 55"	69° 27' 06"	Sapinière à bouleau jaune, 4f-T					
				L. decidua		1	56	3
				L. kaempferi		5	56	3
PAT18473	45° 22' 16"	71° 17' 37"	Érablière à bouleau jaune, 3d-M					
				L. decidua		3	56	3
				L. kaempferi		5	56	3
Série de 1977-78								
BON48077	48° 10' 51"	65° 20' 41"	Sapinière à bouleau jaune, 4g-T					
				L. decidua	6	3	6	10
				L. marschlinsii	7	6	6	10
				L. kaempferi	3	5	6	10
				L. sibirica	2	2	6	10
DAB48177	48° 21' 20"	72° 13' 49"	Sapinière à bouleau blanc, 5d-T					
				L. decidua	4	1	6	10
				L. marschlinsii	1	1	6	10
				L. kaempferi	1	4	6	10
				L. sibirica	4	2	6	10
VRO49277	46° 23' 55"	71° 54' 48"	Érablière à tilleul, 2b-T					
				L. decidua	8	4	6	10
				L. marschlinsii	9	10	6	10
				L. kaempferi	3	6	6	10
				L. sibirica	2	2	6	10

Tableau 1 (fin). Description des tests interspécifiques de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques

N° du test*	Latitude	Longitude	Domaine bioclimatique et sous-région écologique	Taxa	Nbre desc.	Nbre prov.	Nbre de plants par répétition	Nbre de répétition
MAS49977	48° 37' 40"	73° 13' 15"	Érablière à bouleau jaune, 3c-T					
				L. decidua	6	1	6	10
				L. marschlinsii	5	4	6	10
				L. kaempferi	2	4	6	10
				L. sibirica	2	2	6	10
MAP50077	48° 32' 03"	67° 25' 41"	Sapinière à bouleau jaune, 4h-T					
				L. decidua	5	1	6	10
				L. marschlinsii	3	3	6	10
				L. kaempferi	1	4	6	10
				L. sibirica	4	4	6	10
PAR50377	47° 32' 55"	69° 27' 06"	Sapinière à bouleau jaune, 4f-T					
				L. decidua	6		6	10
				L. marschlinsii	2	4	6	10
				L. kaempferi	2	5	6	10
				L. sibirica	2	2	6	10
VER53978	45° 40' 55"	73° 19' 27"	Érablière à caryer cordiforme, 1a-T					
				L. decidua	7	1	6	10
				L. marschlinsii	6	8	6	10
				L. kaempferi	3	5	6	10
				L. sibirica	1	1	6	10
Série de 1980								
BON55780	48° 10' 51"	65° 20' 41"	Sapinière à bouleau jaune, 4g-T					
				L. decidua		3	64	6
				L. kaempferi		8	64	6
DAB56080	48° 21' 20"	72° 13' 49"	Sapinière à bouleau blanc, 5d-T					
				L. decidua		3	64	6
				L. kaempferi		8	64	6
				L. sibirica		1	64	6
COU56280	45° 50' 46"	76° 33' 23"	Érablière à bouleau jaune, 3a-M					
				L. decidua		4	64	4
				L. kaempferi		8	64	4
PAT56780	45° 22' 16"	71° 17' 37"	Érablière à bouleau jaune, 3d-M					
				L. decidua		5	64	6
				L. kaempferi		3	64	6

*le numéro d'un test est constitué de 3 éléments : 1) l'abréviation du canton, 2) un numéro séquentiel de trois chiffres et 3) finalement l'année d'implantation du test (deux derniers chiffres).

Tableau 2. Description des tests de descendances, du test de clones et du test de provenances et descendances de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques

N° du test*	Latitude	Longitude	Domaine bioclimatique et sous-région écologique	Taxa	Nbre clone	Nbre desc.	Nbre prov.	Nbre de plants par répétition	Nbre de répétition[1]
Série de 1974									
BON28974	48° 10' 51"	65° 20' 41"	Sapinière à bouleau jaune, 4g-T	*L. decidua*		36		3	13 (sauf 4 desc. 4-9)
				L. laricina		7		3	7-12
				L. laricina			1	3	13
				L. kaempferi		3		3	13 (sauf 1 desc. =11)
				L. occidentalis		1		3	11
				L. sibirica			1	3	13
LOT25174	46° 29' 29"	71° 55' 21"	Érablière à tilleul, 2b-T	*L. decidua*		36		3	13
				L. marschlinsii			1	3	11
				L. laricina		7	1	3	13
				L. kaempferi		3		3	13
				L. occidentalis			1	3	13
				L. sibirica			1	3	12
Tests de desc.									
VRO69384	46° 23' 55"	71° 54' 48"	Érablière à tilleul, 2b-T	*L. decidua*		87	2	4	12
				L. marschlinsii		11		4	12
				L. kaempferi		1		4	12
LAR84988	48° 02' 40"	68° 25' 27"	Sapinière à bouleau jaune, 4f-T	*L. decidua*		153		4	8
				L. marschlinsii		5	1	4	8
				L. kaempferi		2		4	8
				L. laricina			3	4	8
LAR85088	48° 02' 40"	68° 25' 27"	Sapinière à bouleau jaune, 4f-T	*L. decidua*		15		4	7-10
				L. marschlinsii		50	3	4	6-10
				L. kaempferi		5	1	4	7-10
				L. laricina		65	3	4	6-10
				L. sp.		7	4	4	5-10

Tableau 2 (fin). Description des tests de descendances, du test de clones et du test de provenances et descendances de *Larix* utilisés pour la sélection des éléments génétiques

N° du test*	Latitude	Longitude	Domaine bioclimatique et sous-région écologique	Taxa	Nbre clone	Nbre desc.	Nbre prov.	Nbre de plants par répétition	Nbre de répétition[1]
MSO18595	46° 41' 15"	73° 40' 16"	Érablière à bouleau jaune, 3c-T	*L. marschlinsii*		111		3	7
				L. decidua		9		3	7
				L. kaempferi		16		3	7
				L. gmelinii		6		3	7
HAR30998	46° 45'	74° 40'	Érablière à bouleau jaune, 3b-M						
				L. kaempferi		12		2	10
				L. decidua		5		2	10
				L. marschlinsii		5	4	2	10
HAR31098	46° 45'	74° 40'		*L. kaempferi*		26		2	6
				L. decidua		10		2	6
VLL31198	47° 21'	72° 47'	Érablière à bouleau jaune, 3c-T						
				L. decidua		259		4	10
				L. kaempferi		7		4	10
				L. marschlinsii			3	4	10
Test de clones									
VRO85188	46° 23' 55"	71° 54' 48"	Érablière à tilleul, 2b-T	*L. decidua*	130	16[2]		1	10
Test de prov. et desc.									
BAT00080	46° 31' 05"	72° 15' 03"	Érablière à tilleul, 2b-T	*L. kaempferi*		47	32	10	10

*le numéro d'un test est constitué de trois éléments : 1) l'abréviation du canton, 2) un numéro séquentiel de trois chiffres et 3) finalement l'année d'implantation du test (deux derniers chiffres).
[1]parfois le nombre de répétition est variable.
[2]Les 130 clones sont issus de 16 descendances uniparentales.

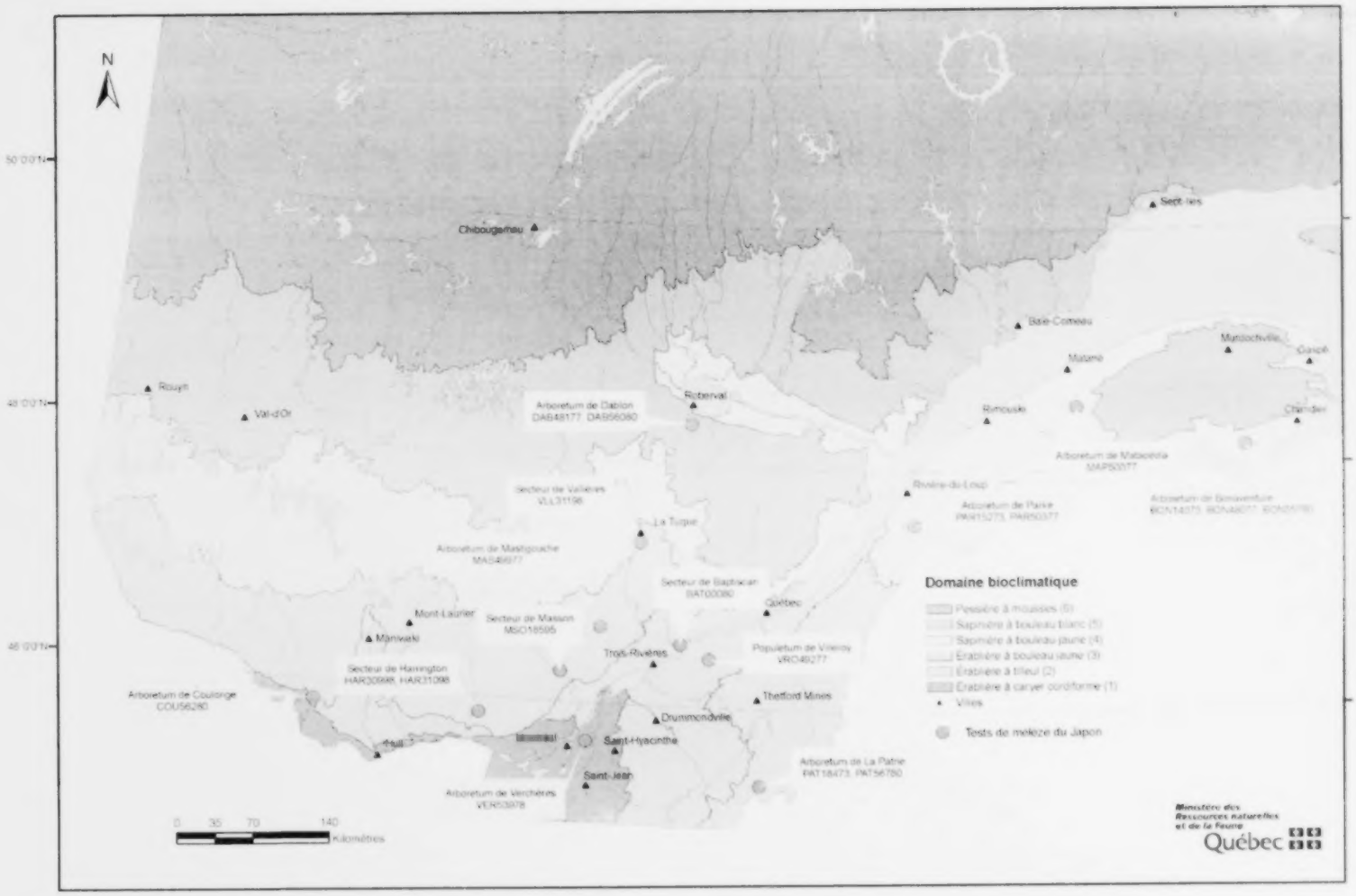

Figure 1. Localisation des arboretums et des tests de MEJ utilisés pour la sélection des éléments génétiques.

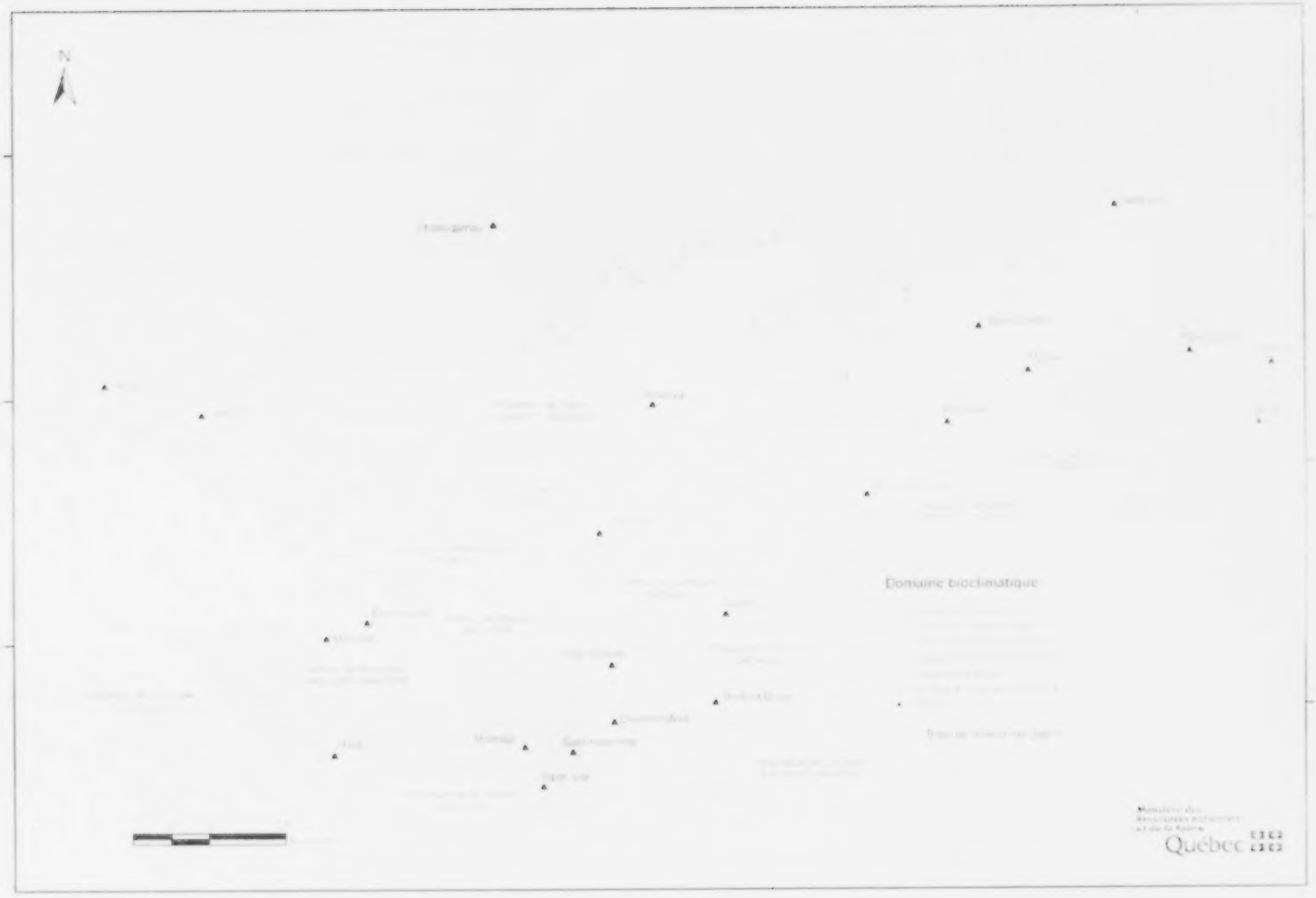

Figure 1 Localisation des arboretums et des tests de MEJ utilisés pour la sélection des éléments génétiques

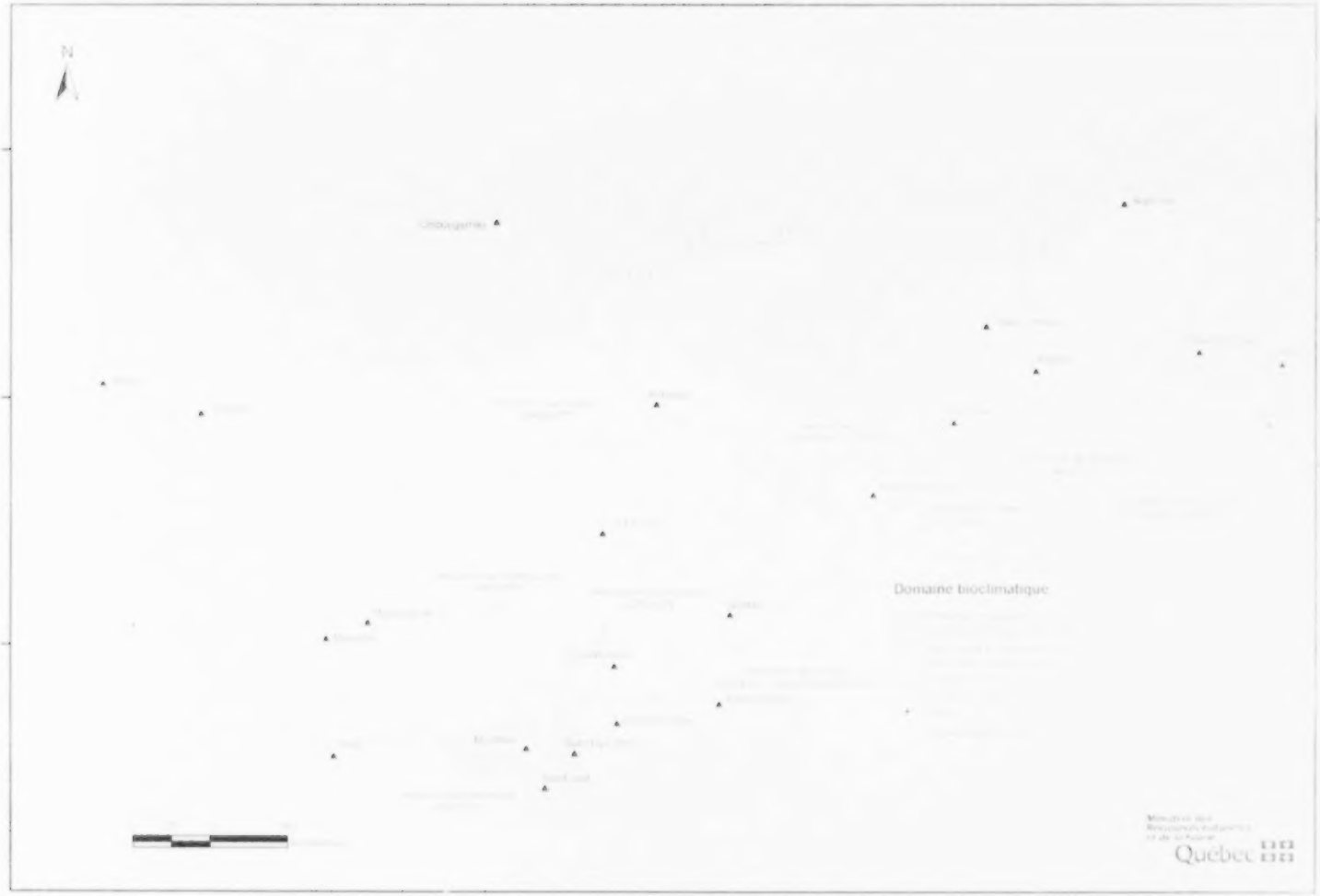

Figure 2 Localisation des arboretums et des tests de MEE utilisés pour la sélection des éléments génétiques

Figure 2. Localisation des arboretums et des tests de MEE utilisés pour la sélection des éléments génétiques.

La série de 1972-73 avait pour but de donner une première approximation du potentiel et de l'adaptabilité des MEE et MEJ dans les forêts décidue mélangée et boréale continue. Le petit nombre d'éléments génétiques et d'espèces de *Larix* testés dans cette série de tests (Tableau 1) résulte entre autres d'un compromis entre le risque et les coûts. Cette série comprend quatre plantations expérimentales localisées dans quatre sous-régions écologiques (Figure 1), soit TRE06972 (5a-T, Trécesson; annulé), BON14073 (4g-T, Bonaventure), PAR15273 (4f-T, Parke) et PAT18473 (3d-M, La Patrie). Par contre, le test de TRE06972 a été exclu des analyses, en raison du faible taux de survie 15 ans après la mise en terre (AMT), soit de 0,12 à 0,49 pour les quatre provenances testées.

La série de 1977-78 avait comme objectif de poursuivre l'évaluation de l'adaptabilité et de la performance de mélèzes introduits, à la suite des résultats préliminaires (taux de survie) obtenus dans la série de 1972-73. En effet, le nombre d'éléments génétiques de cette série est plus élevé que celui de la série de 1972-73 (Tableau 1). Cette série est répétée dans huit sites de cinq domaines bioclimatiques et de sept sous-régions écologiques (Tableau 1 et Figures 1 et 2), soit les tests BON48077 (4g-T), DAB48177 (5d-T, Dablon), VRO49277 (2b-T, Villeroy), MAS49977 (3c-T, Mastigouche), MAP50077 (4h-T, Matapédia), MTL50177 (3b-T, Mont-Laurier; annulé), PAR50377 (4f-T), et VER53978 (1a-T, Verchères).

La série de 1980 avait comme but d'estimer la performance de races locales artificielles de MEJ et de MEE pour plusieurs domaines et sous-domaines bioclimatiques du Québec méridional (Tableau 1 et Figure 1). Une race locale artificielle est une population d'espèce introduite adaptée à un nouvel environnement et issue de la reproduction entre des parents ayant subi la pression de sélection locale pendant une ou plusieurs générations (Zobel et Talbert 1991, Nanson 2004). Cette série est composée de quatre tests, soit BON55780 (4g-T), DAB56080 (5d-T), COU56280 (3a-M, Coulonge) et PAT56780 (3d-M).

La sélection des éléments génétiques de chacune des espèces parentales des trois séries de tests interspécifiques mentionnées ci-dessus a été effectuée au moyen d'analyses multisites, d'estimés LSMEAN (*Least-Squares Mean*) de la procédure PROC MIXED de SAS (Littell *et al.* 1996, version 9.1, SAS Institute Inc. 2003) et des données de hauteur totale 10 ans AMT (série de 1980) ou 15 ans AMT.

Le modèle linéaire utilisé est

$$y_{ijk} = \mu + S_i + G_j + (GS)_{ij} + [B(S)]_{ik} + [GB\,(S)]_{ijk} + \varepsilon_{ijk}$$

où μ est la moyenne générale; S est l'effet du site i; G est l'effet de l'élément génétique (prov. ou desc.) j; S, G et (GS) sont les effets fixes des traitements; B est l'effet du bloc k; [$B(S)$] et [$GB\,(S)$] sont les effets aléatoires et ε est l'erreur d'échantillonnage.

Il n'était pas approprié d'utiliser une correction de voisinage pour ces trois séries de tests, en raison des grandes variations interparcelles causées par la nature des éléments génétiques (plusieurs taxa). Ainsi, l'indice attribué lors du classement *a priori* des arbres-candidats, à l'intérieur des éléments génétiques, correspond au rang de la hauteur totale (HT; 10 ou 15 ans AMT) centrée réduite sur le bloc ($Z = HT - \mu / \sigma$) : où HT est la hauteur totale; μ est la moyenne du bloc et σ est l'écart-type de ce bloc.

1.3.2 Série de 1974

La série de 1974 a été établie afin de sélectionner les meilleures descendances de MEE issues de races locales artificielles. La sélection des meilleures descendances de MEE de cette série de plantations (Tableau 2 et Figure 2; 4g-T, BON28974; 2b-T, LOT25174 et 3b-T, MTL43976 [annulé]) a été effectuée avec les données de hauteur totale 15 ans AMT et la même structure d'analyse que les séries de tests interspécifiques (voir la section 1.3.1). Par contre, le classement *a priori* des arbres-candidats des descendances retenues a été calculé avec la HT 20 ans AMT et d'après la méthode de sélection combinée (Lush 1947 dans Falconer et Mackay 1996). Ce type de sélection tient compte de paramètres génétiques, des valeurs phénotypiques de l'individu et de la descendance pour estimer l'indice de sélection, soit

$$I = P + ([r\text{-}t*n / ((1\text{-}r)*(1 + (n\text{-}1)*t)]*P_f).$$

où :

I = indice de sélection de chaque arbre;

P = valeur phénotypique individuelle et normalisée (μ=0 et σ=1) pour le test;

r = corrélation entre les valeurs génétiques additives des apparentés = 0,25 pour des demi-frères;

$t = h_i^2 / 4$, est la corrélation phénotypique intraclasse pour des demi-frères (h_i^2 = héritabilité individuelle);

n = moyenne harmonique du nombre de plants par descendance;

P_f = LSMEAN de la descendance.

Comme la sélection a été faite dans un seul site, l'héritabilité individuelle biaisée et calculée selon la façon décrite plus en détail dans la section 1.4.1, a été utilisée.

1.3.3 VRO69384 (2b-T) et LAR84988 (4f-T)

À la suite de l'atteinte de la maturité sexuelle des MEE des expériences numéros 202-G-1 et 209-B-1 (BOYLE *et al.* 1989) de CIP (*Canadian International Paper*) et de l'IFNP (Institut forestier national de Petawawa), le MRNF a fait des récoltes de cônes sur les plus beaux arbres, des meilleures provenances. Les tests de descendances VRO69384 et LAR84988 ont été établis à l'aide des semences recueillies en 1978 et 1984. Ces deux tests de descendances avaient comme objectif d'identifier les meilleures descendances de MEE. Puisque ces deux tests de descendances sont localisés sur un seul site (Tableau 2 et Figure 2) les descendances n'ont pas été sélectionnées avant la sélection des arbres, puisqu'une sélection combinée (individuelle et familiale) sur indice a été faite (LUSH 1947 dans FALCONER et MACKAY 1996; voir la section précédente pour la formule). Selon FALCONER et MACKAY (1996), cette méthode de sélection est la plus appropriée pour un test de descendances localisé sur un seul site. Ces auteurs mentionnent également que ce type de sélection est toujours égal ou supérieur à toute autre méthode, même si cette supériorité n'est jamais bien importante. Par contre, ce type de sélection a l'avantage de maintenir une plus grande diversité génétique, puisqu'un plus grand nombre de descendances forment la population d'élevage. Cet avantage est non négligeable dans notre cas, en raison de la taille de nos populations d'élevage et du faible nombre d'éléments génétiques testés. Afin de réduire les effets de l'autocorrélation spatiale, une correction de voisinage des données a été effectuée suivant les méthodes de WRIGHT (1978) et de MAGNUSSEN (1993). La méthode de correction la plus efficace (efficacité relative) a été déterminée, à l'aide du ratio de l'inverse des variances des deux plans d'expériences (sans correction ou avec correction de voisinage); comme l'ont suggéré COCHAN et COX (1957), de même que MEAD (1990), avec la même structure d'analyse que l'estimation de l'héritabilité (détails dans la section 1.4.1).

1.3.4 LAR85088 (4f-T)

Ce test de descendances de MEH avait comme objectif d'identifier les meilleures parents du verger de New Richmond (compagnie Pampev) pour le domaine bioclimatique de la sapinière à bouleau jaune. Les descendances de MEE de ce test s'avèrent utiles pour le processus de sélection des éléments génétiques de la seconde génération, puisqu'ils ne sont pas représentés ailleurs. Ce test est localisé sur un seul site (Tableau 2 et Figure 2). Par contre, la sélection combinée n'a pas été appliquée comme précédemment, en raison du faible nombre de descendances de MEE et du grand nombre de taxa (10) présent dans ce test. Le petit nombre de descendances ne permet pas d'avoir une bonne estimation de l'héritabilité pour un caractère donné (WHITE *et al.* 2007) et, de ce fait, la sélection sur indice n'est pas conseillée. De plus, le grand nombre de taxa de ce test augmente la variation environnementale, ce qui limite la qualité des mesures phénotypiques. La sélection de la descendance a été effectuée avec les données de 10 ans AMT et la structure d'analyse suivante :

Modèle linéaire : $y_{ij} = \mu + D_i + B_j + (DB)_{ij} + \varepsilon_{ij}$

où μ est la moyenne générale; D est un effet fixe attribuable à la descendance i; B est l'effet attribuable au bloc j; DB est l'interaction de la descendance i avec le bloc j; B et (DB) sont des effets aléatoires et ε est l'erreur d'échantillonnage.

1.3.5 MSO18595 (3c-T)

Ce test de descendances de MEH compte plusieurs descendances témoins de MEJ (Tableau 2). Aucune analyse n'a été effectuée pour ce test, en raison du faible taux de survie à cinq ans. Quatre de nos descendances de MEJ (Kuriyama, Japon) sont représentées uniquement dans ce test et c'est pourquoi une sélection massale a été effectuée dans cette plantation comparative. Rappelons que la sélection massale s'appuie exclusivement sur le phénotype (ce qui est observable). Cela évite d'exclure ces éléments génétiques sur la base d'un mauvais choix de site.

1.3.6 HAR30998 (3b-M) et VLL31198 (3c-T)

Les tests de Harrington et de Vallière avaient pour but d'identifier les meilleurs arbres semenciers, respectivement ceux des vergers de mélèze d'Harrington (LAMONTAGNE *et al.* 1994) et de Lotbinière (LOT45776). À l'aide du test de descendances de MEJ d'Harrington (Tableau 2 et Figure 1), la sélection des arbres-élites (AE) a été effectuée avec les mesures de hauteur totale 5 ans AMT de leurs descendants, corrigées d'après la méthode de WRIGHT (1978) et des estimations LSMEAN de la procédure MIXED. Le test de descendances HAR30998 a été établi en collaboration avec les

Serres de Harrington. Des AE sont des parents dont la supériorité génétique est démontrée par la supériorité de leurs descendants en plantation comparative. La même structure d'analyse que le test de descendances LAR85088 localisé sur un seul site a été utilisée (voir la section 1.3.4).

Pour VLL31198 (Tableau 2 et Figure 1), le modèle sur la HT_{5ans} était le même que celui des séries de tests interspécifiques (voir la section 1.3.1), car il y a deux sites avec 5 blocs chacun. Ces deux plantations expérimentales ont été mises en place et suivies avec la collaboration d'Emballages Smurfit-Stone Canada Inc., La Tuque, Québec, Canada.

1.3.7 VRO85188 (2b-T)

Le test de clone de Villeroy (VRO85188; Tableau 2 et Figure 2) a été établi afin d'évaluer la variabilité clonale de MEE issue de bouturage, à l'aide de descendances venant de notre récolte de cônes dans les expériences numéros 202-G-1 et 209-B1 (voir 1.3.3). La sélection de clones a été faite d'après les hauteurs de 10 ans et les estimations LSMEAN (MIXED), selon un modèle semblable à celui d'un test de descendances sur un seul site (voir la section 1.3.4) où les clones remplacent les descendances.

1.3.8 BAT00080 (2b-T)

En 1995, le MRNF a acheté ce verger de la compagnie Avenor Inc. (*Canadian International Paper* [*CIP*]). En 1980, environ 8000 plants constitués de 32 provenances et de 47 descendances de MEJ ont été mis en terre, par *CIP*, afin d'établir une plantation comparative destinée à devenir un verger à graines. L'Institut forestier national de Petawawa (IFNP) a collaboré à l'édification de ce verger (428-G-1), qui d'ailleurs fait partie de leur série d'expérimentation numéro 428 (Boyle *et al.* 1989). Par la suite, des éclaircies génétiques ont été graduellement exécutées, à l'aide du personnel de la Direction de la recherche forestière du MRNF.

Ici aussi, les calculs des deux types d'éléments génétiques (prov. et desc.) ont été effectués séparément et la structure d'analyse était similaire à celle utilisée pour le test de descendances LAR85088 (voir la section 1.3.4). En raison des nombreuses éclaircies génétiques, les calculs ont été faits avec les données de 9 ans, même si la sélection sur le terrain a eu lieu 24 ans après la mise en terre. De plus, pour cette même raison, il n'a pas été possible de faire des corrections de voisinage et une sélection sur indice comme pour les tests de la section 1.3.3. Le classement *a priori* des arbres-candidats a été fait à l'aide des hauteurs totales à 24 ans et de la méthode de variable centrée réduite sur le bloc (voir la section 1.3.1); et ce à l'intérieur de chacune des provenances et descendances sélectionnées dans BAT00080. En 1979, le MRNF a établi deux tests (VER55179 et LOT55279) de la série 428 (IFNP), malheureusement ces deux tests ont été annulés, en raison d'un gel tardif et de fort taux de mortalité.

1.3.9 En résumé

Des analyses indépendantes ont été faites pour chacune des espèces parentales. Deux modèles d'analyses de la hauteur totale (9, 10 ou 15 ans AMT) ont été utilisés pour la sélection des éléments génétiques, soit le modèle pour plusieurs sites (1.3.1) ou le modèle pour un seul site (1.3.4). Le classement *a priori* des arbres-candidats a été obtenu également de deux façons, soit à l'aide de la méthode pour les tests avec plusieurs taxa (1.3.1) et soit à l'aide de la méthode pour les tests avec un taxon (1.3.2), même si ces derniers comptaient quelques taxa témoins.

1.4 Paramètres génétiques

L'estimation des paramètres génétiques sert notamment, à prédire le résultat de la sélection, soit le gain génétique prédit. Il est recommandé d'avoir environ 100 éléments génétiques et plusieurs sites, pour les arbres forestiers, afin d'obtenir la bonne estimation d'un paramètre génétique d'un caractère (White *et al.* 2007). La grande majorité des tests utilisés pour la sélection des parents de la deuxième génération ne satisfait pas ces critères (Tableaux 1 et 2). C'est pourquoi, les populations de production ont été retenues dans les tests se rapprochant des conditions idéales et que seuls les paramètres génétiques et les gains génétiques prédits de ces tests seront présentés. Pour ce qui est du résultat de la sélection des AE de MEJ à partir des tests de HAR30998 et VLL31198, comme les gains génétiques réels étaient disponibles, les paramètres génétiques et les gains génétiques prédits n'ont pas été estimés.

1.4.1 Estimation de l'héritabilité de la hauteur totale

Les analyses de variance servant à déterminer les diverses héritabilités ont été faites avec la méthode d'estimation des variances REML (maximum de vraisemblance) de la procédure MIXED (version 9,1, SAS Institute Inc. 2003). Pour les fins

de ces analyses, l'effet des blocs a été considéré comme fixe et les effets des éléments génétiques et des interactions avec eux ont été considérés comme étant aléatoires, comme l'ont recommandé WHITE et HODGE (1989). De ce fait, le modèle d'analyse utilisé, ici, diffère du modèles d'analyses de la section 1.3.4, seulement par une attribution différente des effets fixes et aléatoires. L'héritabilité d'un caractère est un ratio de variance de deux variables aléatoires, soit la variance des éléments génétiques (unité de base soumise au test; ex. : descendances) sur la variance phénotypique totale. Il s'agit donc d'une mesure du degré de la composante génétique plutôt qu'environnementale du phénotype (ce qui est observable). Il est à noter que tout caractère est déterminé par l'action commune du génotype et du milieu; l'action de l'un ou de l'autre peut être à la limite égale à zéro. Une valeur basée sur un ratio, telle l'héritabilité, ne peut pas être fixée pour un caractère et une espèce donnée, puisqu'elle est dépendante de la composition génétique (ex. : nombre et série de descendances) de la plantation comparative, de même que de la variation environnementale au sein de cette dernière. C'est pourquoi, cette mesure est une information relative du contrôle génétique et elle ne peut être reconnue comme une valeur invariable et absolue. L'estimation de l'héritabilité d'un caractère à partir des données d'un seul site est surestimée et dite biaisée, puisque la somme des variances additive et additive x environnement est utilisée relativement à la variance phénotypique totale (COMSTOCK et MOLL 1963, HODGE et WHITE 1992). Comme les tests de la sélection des populations de production étaient tous sur un seul site, seulement les estimations d'h^2 biaisée ont été calculées. Les formules suivantes ont été utilisées respectivement pour les estimations biaisées des héritabilités au sens strict sur une base individuelle et familiale (descendance uniparentale), en présumant, comme modèle génétique, de vrais demi-frères et des parents non apparentés :

$$h_i^2 = 4 * \sigma^2_f / \sigma^2_f + \sigma^2_{fb} + \sigma^2_e$$

$$h_f^2 = \sigma^2_f / \sigma^2_f + \sigma^2_{fb} / b + \sigma^2_e / nb$$

où :

h_i^2 = héritabilité individuelle au sens strict;

σ^2_f = variance attribuable à la différence entre les descendances;

σ^2_{fb} = variance attribuable à l'interaction descendances - blocs;

σ^2_e = variance résiduelle attribuable à la variation intraparcelle;

h_f^2= héritabilité familiale au sens strict;

b = moyenne harmonique du nombre de bloc par descendance;

n = moyenne harmonique du nombre d'arbres par parcelle.

Dans le cas du test de provenances de MEJ, un paramètre comparable à l'héritabilité au sens large (H^2) a été estimé selon la méthode de Nanson (1970). Ce paramètre représente la part reproductible de la variance totale de la moyenne des provenances sélectionnées. Ce paramètre se calcule de la façon suivante pour un seul site :

$$PH^2 = \sigma^2_p / \sigma^2_p + \sigma^2_{pb} / b + \sigma^2_e / nb$$

où :

PH^2 = paramètre de la part reproductible;

σ^2_p = variance attribuable à la différence entre les provenances;

σ^2_{pb} = variance attribuable à l'intéraction provenances - blocs;

b = moyenne harmonique du nombre de bloc par provenance;

σ^2_e = variance résiduelle attribuable à la variation intraparcelle;

n = moyenne harmonique du nombre d'arbres par parcelle.

1.4.2 Estimation de l'héritabilité de la rectitude du tronc

Les analyses de l'estimation de l'héritabilité de la rectitude du tronc ont été effectuées à l'aide de PROC GLIMMIX de SAS (version 9,1, *SAS Institute Inc.* 2003) avec l'option RMPL et le même modèle d'analyse que pour la hauteur totale. Les données qualitatives de huit classes (GAGNON et NUMAINVILLE 1991) ont été transformées en données binaires selon la classification suivante : rectitude du tronc acceptable (acc = 1) et non acceptable (acc = 0). De plus, dans certains cas plusieurs techniques ont été testées, afin de faire converger l'analyse (NLOPTIONS TECH=NEWRAP ou NRRIDG ou TRUREG).

1.4.3 Estimation de l'erreur-type des héritabilités individuelle et familiale au sens strict et du paramètre PH^2

Il n'y a pas de mesure exacte pour estimer la variance d'un ratio de deux variables aléatoires, mais seulement des méthodes d'approximation. L'approximation des étendues de la variation (erreur-type) des estimations d'héritabilités individuelle et familiale au sens strict (biaisée), ainsi que du paramètre PH^2 a été obtenue d'après la méthode d'approximation de Dickerson (1969), comme le recommandent Dieters *et al.* (1995). Cette méthode est simple, conservatrice (surestimation) et présume que le dénominateur du ratio est un paramètre connu et non une estimation, soit la variance phénotypique totale. Les formules suivantes ont été utilisées (un seul site), selon les paramètres génétiques estimés (h_i^2; h_f^2; PH^2) :

Estimation de l'erreur-type de l'héritabilité individuelle

$$Sh_i^2 = 4 * S\sigma^2_f / \sigma^2_f + \sigma^2_{fb} + \sigma^2_e$$

et

Estimations de l'erreur-type de l'héritabilité familiale et du paramètre PH^2

$$Sh_f^2 = S\sigma^2_f / \sigma^2_f + \sigma^2_{fb} /b + \sigma^2_e /nb$$

où :

Sh_i^2 = Erreur-type de l'estimation d'héritabilité individuelle au sens strict (biaisée);

$S\sigma^2_f$ = Erreur-type de la variance attribuable à la différence entre les descendances ou les provenances pour PH^2;

Sh_f^2 = Erreur-type de l'estimation d'héritabilité familiale au sens strict (biaisée) ou erreur-type de l'estimation de PH^2;

pour les autres termes voir la section 1.4.1.

1.5 Gain génétique prédit

D'une série de tests à l'autre et d'un test à l'autre, les éléments génétiques ne sont pas les mêmes, ainsi on ne peut pas simplement faire la moyenne des gains génétiques prédits. C'est pourquoi, les estimations de gain génétique prédit par espèce parentale ont été calculées, à l'aide d'une pondération, selon les étapes suivantes :

1)

1a) Calcul du gain de la sélection d'arbres à l'intérieur de provenances (MEJ seulement)

La part reproductible prédite des AS dans les provenances, à l'intérieur d'un test, correspond à G_{ASP} = PH^2 * (moyenne des provenances sélectionnées - moyenne du test).

ou

1b) Calcul du gain de la sélection d'arbres à l'intérieur de descendances

Le gain génétique prédit de chacun des AS dans une descendance, à l'intérieur d'un test, correspond à G_{AS} = (h_i^2 * [valeur phénotypique de l'arbre – moyenne de la descendance] + h_f^2 * [moyenne de la descendance – moyenne du test]). Et le calcul du gain moyen par test est égal à la moyenne des G_{AS}.

ou

1c) Calcul du gain de la sélection d'AE à partir de test de descendances (MEJ seulement)

Le gain moyen par test est égal à la moyenne des gains génétiques réels des AE.

2)

Le gain génétique prédit moyen pondéré est égal à l'addition des gains génétiques prédits moyens par test qui furent préalablement pondérés par le nombre d'AS à l'intérieur d'un test sur le total des AS (ex. : 9 AS /20 AS *32,3 cm qui est le gain génétique prédit moyen des 9 MEJ de la population de production retenus dans les descendances du test BAT00080). Dans le cas des AE de MEJ, le gain génétique réel moyen par test a été utilisé, puisque le gain génétique prédit n'a pas été estimé (1.4).

3)

Le calcul du gain génétique prédit relatif est égal au rapport du gain génétique prédit moyen pondéré (résultat de l'étape 2) sur la moyenne pondérée (également en fonction du nombre AS par test) de la hauteur totale des MEE ou MEJ pour l'ensemble des tests avec des AS (3 tests/espèce parentale).

Et finalement, il en a été de même pour l'âge moyen des AS. Rappelons que nous avons des mesures 9, 10 ou 15 ans, après la mise en terre.

1.5.1 Populations d'élevage de la seconde génération

Rappelons qu'il n'est pas possible d'obtenir une estimation du gain génétique prédit pour l'ensemble des AS des populations d'élevage de MEJ et de MEE, car peu de tests comptent suffisamment d'éléments génétiques pour produire une estimation valable des paramètres génétiques (Tableaux 1 et 2 et section 1.4). Ainsi, seuls les gains génétiques prédits pour les AS dans les quatre tests suivants : BAT00080, VRO69384, LAR84988 et VRO85188, ainsi que les gains génétiques réels des AE retenus à partir des résultats des tests HAR30998 et VLL31198 seront présentés. Ces gains seront présentés par test ou pour chacune des espèces parentales avec seulement un sous-ensemble des AS et AE (75 MEJ et 52 MEE). Les estimations de gains de chacune des espèces parentales ont été calculées selon les mêmes étapes que la section précédente et seulement avec l'étape 1 pour les estimations par test.

1.5.2 Populations de production de la seconde génération

Il n'est pas possible d'obtenir une estimation du gain génétique prédit de la variété de MEH que produiront les prochaines populations de production de la seconde génération (20 MEE et 20 MEJ), puisque les AS et leurs parents n'ont jamais été utilisés auparavant pour la formation de MEH. Ainsi, les estimations de gain génétique prédit de la hauteur totale et de la rectitude du tronc ont été obtenues indépendamment pour chacune des espèces parentales (MEE et MEJ), d'après les étapes 1 à 3 de la section 1.5.

1.6 Estimation du gain génétique prédit en volume marchand des populations de production de la seconde génération

Le gain génétique prédit en volume marchand (VM) a été estimé à l'aide du gain génétique prédit relatif en hauteur totale, ainsi qu'avec les équations de BOLGHARI et BERTRAND (1984). D'abord, l'indice de qualité de la station (IQS) à 25 ans des cinq tests de la sélection des parents des populations de production (Annexes I et II) a été établi d'après la hauteur dominante (HD) des 200 tiges dominantes à l'hectare à l'âge du dernier mesurage et l'équation de BOLGHARI et BERTRAND (1984). Puis, l'estimation du gain génétique prédit en volume marchand a été calculé par l'établissement d'un nouvel IQS; d'après les HD moyennes pondérées (en fonction du nombre d'AS MEE ou MEJ/20) de chacun des tests de la sélection et d'après le gain génétique prédit relatif en hauteur totale pour les 20 MEE ou les 20 MEJ. Enfin, le VM a été estimé pour des plantations de 1667 arbres ha^{-1}.

Chapitre deux

Résultats

2.1 Statistiques descriptives

2.1.1 MEJ

Rappelons que des tests de provenances et des tests de descendances de MEJ ont été utilisés pour constituer la population d'élevage de seconde génération. L'IQS des quatre tests de provenances (série 1972-73 et BAT00080) varie de 10,6 à 20,3 m à l'âge de 25 ans (Tableau 3), soit de faible à élevé. L'IQS des tests de descendances varie de façon similaire, soit de 9,8 à 20,3 m (Tableau 3). Plusieurs IQS n'ont pu être calculés, en raison du trop petit nombre de MEJ à l'intérieur d'un test (grandement inférieur à 200), notamment dans la série de tests de 1977-78. La hauteur totale moyenne (HTM) 15 ans AMT des tests de provenances fluctue entre 737 et 944 cm et celle des tests de descendances entre 569 et 951 cm (Tableau 3). La hauteur totale moyenne des tests avec des mesures à 9 et 10 ans AMT fluctue entre 765 et 875 cm (Tableau 3). Neuf ans AMT, le TRTAC varie de 0,53 à 0,61, soit entre les descendances et les provenances du test BAT00080 (Tableau 3). Par contre, le TRTAC fluctue entre 0,55 et 0,90 (Tableau 3) pour les 10 tests avec des mesures 15 ans AMT.

2.1.2 MEE

L'IQS de l'ensemble des tests de descendances de MEE utilisés fluctue de 9,2 à 19 m, soit de faible à élevé. Par contre, plusieurs n'ont pu être déterminés (Tableau 4), en raison d'un nombre d'individus nettement inférieur à 200. La HTM 15 ans AMT fluctue de 620 à 1140 cm, et pour les trois tests sans mesure 15 ans AMT, la HTM 10 ans AMT varie de 673 à 739 cm (Tableau 4). Le TRTAC varie entre 0,49 et 0,86 pour les trois tests de descendances dont les dernières mesures disponibles sont celles de 10 ans AMT, et il est similaire pour les neuf tests avec des mesures 15 ans AMT, soit une variation entre 0,45 et 0,95 (Tableau 4). Seul le TRTAC à 20 ans est disponible pour le test BON28974, il est de 0,79.

2.2 Sélection des éléments génétiques et des AS

2.2.1 Population d'élevage de MEJ

Au total environ 18 % des éléments génétiques testés ont été retenus pour former cette population d'élevage de la seconde génération de MEJ, soit 24 sur 137. Les informations sur les AS et les AE de MEJ, ainsi que sur leurs descendances ou provenances d'origines sont présentées dans l'annexe I.

2.2.1.1 Série de 1972-73 (3 AS / 1 prov. / 5 prov.)

Une provenance de MEJ (134) sur cinq a été retenue, à la suite de l'analyse multisites de la série de tests de 1972-73. La sélection des arbres a été effectuée dans le test BON14073. La provenance 134 a un $LSMHT_{15ans}$ de 817 cm (« *Least-Squares Mean* de la hauteur totale », Annexe I), ce qui fait une supériorité phénotypique (observable) de 80 cm. Les trois arbres sélectionnés à l'intérieur de cette provenance ont une MHT (moyenne de hauteur totale) 15 ans AMT égal à 1000 cm (Tableau 3) et donc une supériorité phénotypique de 263 cm par rapport à la moyenne du test. Ces trois AS ont une RT du tronc acceptable 15 ans après leur mise en terre et les TRTAC de la provenance 134 et des tests sont supérieurs à 0,73 (Tableau 3 et Annexe I).

2.2.1.2 Série de 1977-78 (2 AS / 1 desc. / 3 desc.)

Seule la descendance 556 dans la série de test de descendances de 1977-78, a été retenue parmi les trois descendances de MEJ de cette série. Les arbres de cette descendance ont été sélectionnés dans deux tests. Dans le test de Bonaventure (BON48077), la descendance 556 a un $LSMHT_{15ans}$ de 895 cm et l'AS a une HT_{15ans} de 1065 cm (Annexe I), soit une supériorité phénotypique de 194 cm. La supériorité phénotypique de l'AS dans le test de Mastigouche est de 146 cm, puisque sa HT_{15ans} est 825 cm et que la moyenne des $LSMHT_{15ans}$ de l'ensemble des descendances de MEJ du test MAS49977 est de 679 cm. Les deux AS ont une RT acceptable 15 ans AMT et les TRTAC des trois descendances sont respectivement de 0,9 et de 0,78 à Bonaventure et Mastigouche.

Tableau 3. Statistiques descriptives des tests et des MEJ sélectionnés, et quelques paramètres génétiques des populations d'évaluation utilisés pour constituer la population de production

	Série 1972-73 3 tests	BON14073 4g-T; 5 prov.	PAR15273 4f-T; 5 prov.	PAT18473 3d-M; 5 prov.				
IQS_{25} en m		10.6	N. D.	14,5				
HTM_{15} en cm		737 ± 106	810 ± 71	944 ± 38				
$TRTAC_{15}$		0.83	0,88	0.73				
Nombre d'AS		3						
AS-HTM_{15} en cm		1000 ± 109						
AS-$TRTAC_{15}$		1,0						
	Série 1977-78 7 tests	BON48077 4g-T; 3 desc.	DAB48177 5d-T; 1 desc.	VRO49277 2b-T; 3 desc.	MAS49977 3c-T; 2 desc.	MAP50077 4h-T; 1 desc.	PAR50377 4f-T; 2 desc.	VER53978 1a-T; 3 desc.
IQS_{25} en m		12,6	N. D.	N. D.	9,8*	N. D.	N. D.	N. D.
HTM_{15} en cm		871 ± 30	840 ± 21	840 ± 40	679 ± 30	745 ± 33	569 ± 84	951 ± 122
$TRTAC_{15}$		0,90	0.61	0,55	0,78	0,68	0,59	0,70
Nombre d'AS		1			1			
AS- HTM_{15} en cm		1065			825			
AS- $TRTAC_{15}$		1,0			1,0			
		BAT00080 2b-T; 32 prov.			BAT00080 2b-T; 47 desc.			
IQS_{25} en m		20,3		IQS_{25} en m	20,3			
HTM_9 en cm		765 ± 74		HTM_9 en cm	767 ± 79			
PH^2		*0,78 ± 0,26*		h_i^2	*0,23 ± 0,07*			
				h_f^2	*0,63 ± 0,21*			
$TRTAC_9$		0,61		$TRTAC_9$	0,53			
PH^2		*0,80 ± 0,34*		h_i^2	*0,51 ± 0,19*			
				h_f^2	*0,78 ± 0,29*			
Nombre d'AS		47		Nombre d'AS	24			
AS-HTM_9 en cm		817 ± 58		AS-HTM_9 en cm	829 ± 41			
AS- $TRTAC_9$		0,91		AS- $TRTAC_9$	0,83			
		HAR30998 3b-M; 12 desc.	HAR31098 3b-M; 26 desc.		VLL31198 3c-T; 7 desc.			
IQS_{25} en m		18	20,1		17,8			
HTM_{10} en cm		817 ± 61	875 ± 64		768 ± 37			
Nombre d'AE		3			1			
HTM_{10} en cm des desc. des AE		875 ± 14			842			

*seulement 60 MEJ ont servi pour déterminer la hauteur dominante.

Légende : AE = Arbre-Élite; **AS** = Arbre Sélectionné; h_i^2= estimation biaisée de l'héritabilité au sens strict sur une base individuelle (en présumant que la variance additive = 4 * σ^2_i); h_f^2= estimation biaisée de l'héritabilité au sens strict sur une base familiale; **$HTM_{9,10 ou 15}$**= Hauteur Totale Moyenne à 9, 10 ou 15 ans; **IQS_{25}** = Indice de Qualité de Station à 25 ans; **PH^2**= Paramètre de la part reproductible; **$TRTAC_{9, 10 ou 15}$**= Taux de Rectitude du Tronc ACceptable à 9, 10 ou 15 ans.

Tableau 4. Statistiques descriptives des tests et des MEE sélectionnés, et quelques paramètres génétiques des populations d'évaluation utilisés pour constituer la population de production

	Série 1974 2 tests	LOT25174 2b-T, 36 desc.	BON28974 4g-T, 36 desc.					
IQS_{25} en m		16.8	13.6					
HTM_{15} en cm		981 ± 75	759 ± 83					
$TRTAC_{15\ ou\ 20}$		0.60 (15 ans)	0.79 (20 ans)					
Nombre d'AS			14					
AS-HTM_{15} en cm			908 ± 60					
AS-$TRTAC_{20}$			1.0					
	Série 1977-78 7 tests	BON48077 4g-T, 6 desc.	DAB48177 5d-T, 4 desc.	VRO49277 2b-T, 8 desc.	MAS49977 3c-T, 6 desc.	MAP50077 4h-T, 5 desc.	PAR50377 4f-T, 6 desc.	VER53978 1a-T, 7 desc.
IQS_{25} en m		12.7	N. D.	N. D.	9.2	N. D.	N. D.	N. D.
HTM_{15} en cm		827 ± 100	824 ± 156	820 ± 172	620 ± 100	753 ± 100	647 ± 135	1027 ± 130
$TRTAC_{15}$		0.84	0.80	0.45	0.74	0.56	0.56	0.76
Nombre d'AS		7			4			
AS-HTM_{15} en cm		1011 ± 95			925 ± 35			
AS-$TRTAC_{15}$		1.0			1.0			
		VRO69384 2b-T, 87 desc.						
IQS_{25} en m		18						
HTM_{15} en cm		1140 ± 71						
h_i^2		*0.27 ± 0.14*						
h_f^2		*0.26 ± 0.13*						
$TRTAC_{15}$		0.95						
h_i^2		*N.D.*						
h_f^2		*N.D.*						
Nombre d'AS		15						
AS-HTM_{15} en cm		1315 ± 95						
AS-$TRTAC_{15}$		1.0						
		LAR84988 4f-T, 153 desc.		LAR85088 4f-T, 15 desc.		VRO85188 2b-T, 15 desc.		
IQS_{25} en m		19		15.5		18.4		
HTM_{10} en cm		739 ± 53		673 ± 58		716 ± 54		
h_i^2		*0.31 ± 0.07*				*0.57 ± 0.25*		
h_f^2		*0.50 ± 0.11*				*0.89 ± 0.39*		
$TRTAC_{10}$		0.51		0.86		0.49		
h_i^2		*0.92 ± 0.20*				*0.83 ± 0.40*		
h_f^2		*0.75 ± 0.16*				*0.92 ± 0.44*		
Nombre d'AS		33		3		4		
AS-HTM_{10} en cm		932 ± 67		935 ± 28		854 ± 14		
AS-$TRTAC_{10}$		1.0		1.0		0.66		

Légende : AS = Arbre Sélectionné; h_i^2= estimation biaisée de l'héritabilité au sens strict sur une base individuelle (en présumant que la variance additive = $4 * \sigma^2_i$); h_f^2= estimation biaisée de l'héritabilité au sens strict sur une base familiale; **$HTM_{10\ ou\ 15}$**= Hauteur Totale Moyenne à 10 ou 15 ans; **IQS_{25}** = Indice de Qualité de Station à 25 ans; **$TRTAC_{10,\ 15\ ou\ 20}$**= Taux de Rectitude du Tronc ACceptable à 10, 15 ou 20 ans.

2.2.1.3 Série de 1980 (0 AS / 1 prov. / 8 prov.)

Une provenance de MEJ sur huit a été sélectionnée, mais aucun arbre n'a été retenu. À la suite de l'analyse avec les marqueurs moléculaires, tous les arbres-candidats se sont avérés être des hybrides.

2.2.1.4 MSO18595 (1 AS / 1 fam. / 4 fam.)

Une descendance et un arbre ont été retenus au départ. À l'automne 2008, cet arbre a été remplacé par un autre MEJ, puisque l'ensemble des greffes de 2003 sont mortes. La descendance provenant de Kuriyama (Japon) n'est donc plus représentée dans la population d'élevage de MEJ.

2.2.1.5 HAR30998 (3 AE / 12 AE)

Une sélection dite de retour a été effectuée avec les mesures de cinq ans après la mise en terre de ce test de descendances. Il s'agit de sélectionner les parents d'après la performance de leurs descendants. Dans le cas des arbres-élites, il n'est pas nécessaire d'estimer l'héritabilité pour faire une estimation du gain génétique prédit, puisqu'on connaît le gain génétique réel, soit la différence de croissance de la moyenne des descendants de l'AE avec la moyenne du test. Comme les données de 10 ans AMT sont maintenant disponibles, le gain génétique réel de cette sélection a été calculé pour cet âge et il est de 59 cm ou 7,2 %. Le gain génétique réel de la rectitude du tronc n'est pas disponible, puisque les mesures de rectitude du tronc n'ont pas été prises dans le test. Par contre, les 12 arbres-candidats étaient classés acceptables, car il s'agit de parents du verger de Harrington établi en 1981 (Lamontagne *et al.* 1994).

2.2.1.6 VLL31198 (1 AE / 7 AE)

Au moment de la sélection en 2003, deux AE ont été retenus, à partir des résultats de 5 ans AMT du test de descendances de Vallière. Par contre, à la suite de l'analyse des données de 10 ans AMT, un seul arbre a été retenu, afin d'ajouter un AE provenant du verger d'Harrington (section précédente). Le gain génétique réel est de 74 cm 10 ans AMT, soit 9,6 %. Le gain génétique réel de la rectitude du tronc n'est pas disponible, puisque les données de RT n'ont pas été prises dans ce test.

2.2.1.7 BAT00080 (47 AS / 11 prov. / 32 prov. et 24 AS / 9 desc. / 47 desc.)

Une remarque importante s'impose ici, les résultats issus des mesures à neuf ans de cette ancienne plantation de la compagnie *CIP* sont présentés uniquement dans le but d'illustrer les résultats de nos sélections (Tableau 3 et Annexe I). Il est important de rappeler que durant les premières années, l'Institut forestier national de Petawawa a collaboré avec *CIP*, lors de l'établissement de ce test destiné à être graduellement transformé en verger. Par la suite, le MRNF a collaboré aux analyses et éclaircies génétiques avant d'en faire l'acquisition, en 1995. Onze provenances de MEJ ont été retenues parmi les trente-deux de ce test. La moyenne des $LSMHT_{9ans}$ de ces provenances est de 794 cm, ce qui leur confère une supériorité phénotypique de 29 cm et un gain reproductible en hauteur totale de 23 cm, soit 3 % 9 ans AMT. Au total, 47 arbres de ces provenances ont été sélectionnés et leur $HTM_{9\ ans}$ AMT est de 817 cm, soit une supériorité phénotypique de 52 cm par rapport à la moyenne du test. Le $TRTAC_{9ans}$ des provenances retenues varie de 0,48 à 0,81. Quatre AS n'avaient pas une rectitude du tronc acceptable 9 ans AMT, bien que ces arbres fussent parmi les plus beaux de leur provenance au moment de la sélection, soit 24 ans AMT. Les descendants de ces 47 AS devraient avoir un TRTAC 9 ans AMT de 0,63.

Parmi les 47 descendances de cette plantation, 9 ont été sélectionnées. La moyenne des $LSMHT_{9ans}$ de ces 9 descendances est de 797 cm. La HTM des 24 AS de ces descendances est de 829 cm, ce qui leur confère une supériorité phénotypique de 62 cm et un gain génétique prédit de 25 cm 9 ans AMT, soit 3 %. Le $TRTAC_{9ans}$ des 9 descendances retenues fluctue de 0,41 à 0,83 et également 4 AS n'ont pas une RT acceptable 9 ans AMT, contrairement au moment de la sélection. Le TRTAC des descendants de ces 24 AS devrait être de 0,73, 9 ans après la mise en terre.

2.2.2 Population d'élevage de MEE

Quinze pourcent des éléments génétiques testés du MEE ont été retenus pour constituer la population d'élevage, soit 42 éléments génétiques sur 280 testés. Les informations sur les AS et les CL de MEE, ainsi que sur leurs descendances d'origines sont présentées dans l'annexe II.

2.2.2.1 Série de 1974 (14 AS / 4 desc. / 36 desc.)

Quatre descendances de MEE sur trente-six ont été retenues dans cette série de tests et quatorze arbres ont été sélectionnés dans le test BON28974. La moyenne des $LSMHT_{15ans}$ des descendances retenues est de 857 cm. Les 14 AS ont une HTM_{15ans} de 908 cm, soit une supériorité phénotypique de 149 cm. Les 14 AS ont une RT acceptable 20 ans AMT et le $TRTAC_{20ans}$ des descendances retenues fluctue de 0,6 à 0,97.

2.2.2.2 Série de 1977-78 (11 AS / 3 desc. / 8 desc.)

À la suite des analyses multisites, trois descendances de MEE sur huit ont été retenues dans cette série de tests et onze arbres ont été sélectionnés dans deux tests de cette série. La moyenne des $LSMHT_{15ans}$ des trois descendances retenues dans le test de Bonaventure (BON48077) est de 912 cm, et la HTM_{15ans} des 7 AS est de 1011 cm, soit une supériorité phénotypique de 184 cm. La moyenne des $LSMHT_{15ans}$ des deux descendances avec des AS, dans le test de Mastigouche (MAS49977) est de 721 cm, et la HTM_{15ans} des 4 AS est de 925 cm, soit une supériorité phénotypique de 305 cm. Les TRTAC des tests BON48077 (0,84) et MAS49977 (0,74) et des descendances sélectionnées sont élevés (Tableau 4 et Annexe II). L'ensemble des AS ont une rectitude du tronc acceptable.

2.2.2.3 VRO69384 (15 AS / 12 desc. / 87 desc.)

La sélection combinée sur indice a été appliquée et c'est pourquoi aucune descendance n'a été retenue au préalable pour ce test de descendances. Ainsi, il y a seulement deux descendances avec plus d'un AS. Le rang de l'indice de sélection des 15 AS de ce test varie du 6e au 80e sur 568 arbres-candidats. Dans cè cas-ci, les arbres-candidats sont des arbres dotés d'une rectitude du tronc acceptable, lors du dernier mesurage. Environ 80 % des arbres-candidats d'un rang inférieur à 80 ont été exclus, à la suite de la sélection massale. Les AS ont une HTM_{15ans} de 1315 cm, ce qui leur confère une supériorité phénotypique de 175 cm. Le gain génétique prédit en HT est de 4 % (46 cm). Les héritabilités individuelle et familiale de la RT 15 ans AMT n'ont pu être déterminées pour ce test, en effet l'analyse de variance ne converge pas pour toutes les techniques d'optimisations disponibles dans Proc GLIMMIX (voir 1.4.2). Vraisemblablement, les descendants des 15 AS auront un tronc droit 15 ans AMT, étant donné que tous les AS ont une rectitude du tronc acceptable et que le TRTAC des arbres de ce test est de 0,95 15 ans AMT.

2.2.2.4 LAR84988 (33 AS / 20 desc. / 153 desc.)

La sélection combinée a également été appliquée à ce test. Le rang de l'indice de sélection des 33 AS fluctue du 4e au 63e sur 1195 arbres-candidats. Il y a donc près de la moitié des arbres-candidats de rang inférieur à 60 qui ont été exclus. Ici aussi, l'absence de sélection par étape (descendance et arbre à l'intérieur des descendances) a permis de retenir un grand nombre de descendances, en effet il y a une moyenne de 1,6 AS par descendance et seulement 8 descendances avec plus d'un AS. Les AS ont une HTM_{10ans} de 932 cm, donc une supériorité phénotypique de 193 cm et un gain génétique prédit de 74 cm, soit une hausse de 10 % 10 ans AMT. L'amélioration de la rectitude du tronc par la sélection des 33 MEE dans LAR84988 est très marquée. En effet, le TRTAC de leurs descendants devrait être de 0,96 10 ans AMT, soit une forte hausse comparativement au TRTAC 10 ans AMT observé dans ce test (0,51; Tableau 4).

2.2.2.5 LAR85088 (3 AS / 1 desc. / 15 desc.)

Une descendance (6943) sur quinze du deuxième test de descendances du canton Laroche a été retenue et trois arbres y ont été sélectionnés. Le $LSMHT_{10ans}$ de cette descendance est de 771 cm. Le gain phénotypique est de 262 cm 10 ans AMT, puisque la HTM_{10ans} des 3 AS est de 935 cm et que la moyenne des $LSMHT_{10ans}$ des 15 descendances de MEE est de 673 cm (Tableau 4). Le TRTAC 10 ans AMT de la descendance 6943 est élevé, soit de 0,88 et de 1,0 pour les 3 AS.

2.2.2.6 VRO85188 (4 clones sélectionnés / 130 CL / 16 desc.)

Quatre clones sur cent trente ont été retenus, dans ce test de clones, à la suite de l'analyse des données 10 ans AMT. Comme pour les sélections précédentes, ces arbres constituent une partie de la population d'élevage de la seconde génération (parents). De ce fait, nous avons estimé les héritabilités individuelle et familiale à partir de la variance attribuable à la différence entre les 16 descendances représentées dans ce test, afin d'estimer le gain génétique prédit pour les descendants de ses clones. Le gain phénotypique en HT 10 ans AMT de la sélection des 4 clones est de 138 cm et le gain génétique prédit est de 90 cm, soit 12,6 %. Le TRTAC des descendants de ces 4 AS devrait être de 0,63, 10 ans après la mise en terre.

2.2.3 Gain génétique prédit moyen des populations d'élevage de la seconde génération

Il est possible d'estimer le gain génétique prédit ou de connaître le gain génétique réel en HT, de 94 % (75/80) des MEJ sélectionnés. Donc, le gain génétique prédit moyen en HT de la population d'élevage de la seconde génération est d'environ 25 cm 9 ans AMT, soit 3,3 %. Il est possible de faire une estimation de la RT avec 71 des MEJ sélectionnés. Le TRTAC de leurs descendants devrait être de 0,66 9 ans AMT. Seulement 65 % (52/80) des AS de la population d'élevage de la seconde génération de

MEE sont issus des tests pour lesquels des estimations d'héritabilité sont fiables. Le gain génétique prédit moyen en HT de ces 52 MEE est de 67 cm 11 ans AMT, soit 7,9 %. Le TRTAC de leurs descendants devrait être de 0,82 11 ans AMT.

2.2.4 Gain génétique prédit moyen des populations de production de la seconde génération

Le gain génétique prédit moyen en HT des 20 MEJ de la population de production est de 30 cm 9 ans AMT (3,9 %), soit près de 5,5 % en volume marchand (VM) à l'âge de 30 et de 45 ans, ou respectivement 15 m^3 ha^{-1} (284 m^3 ha^{-1} ou 9,5 m^3 ha^{-1} an^{-1}) et 19 m^3 ha^{-1} (373 m^3 ha^{-1} ou 8,3 m^3 ha^{-1} an^{-1}), pour 1667 arbres ha^{-1}. Les descendants de cette population de MEJ devraient avoir un TRTAC de 0,65 8 ans après la mise en terre. Les gains génétiques prédits moyens de la population de production de MEE (20 parents) seront plus élevés, soit des hausses de 8,8 % en HT 12 ans AMT (77 cm) et de 15 % en VM; 33 m^3 ha^{-1} à l'âge de 30 ans (249 m^3 ha^{-1} ou 8,3 m^3 ha^{-1} an^{-1}) et 43 m^3 ha^{-1} à l'âge de 45 ans (329 m^3 ha^{-1} ou 7,3 m^3 ha^{-1} an^{-1}). Le TRTAC aussi sera plus élevé. Ainsi 0,93 des descendants des 20 MEE devraient avoir un tronc droit ou légèrement flexueux 12 ans après la mise en terre. Rappelons que les gains sont calculés à partir d'une comparaison avec les moyennes pondérées des tests qui ont servi à la sélection.

Chapitre trois

Discussion

3.1 Sélection et gain génétique prédit de la population d'élevage de MEJ

La population d'élevage de la seconde génération de MEJ est constituée majoritairement d'arbres et d'éléments génétiques provenant du test BAT00080, soit 71 AS sur un total de 80. Cela limite notre estimation de la performance à venir de leurs descendants. En effet, comme le test n'est pas répété dans plusieurs environnements au Québec, seuls les paramètres génétiques biaisés sont disponibles. Par contre, plus de 60 % des AS de cette population d'élevage sont issus d'éléments génétiques ayant déjà fait l'objet de domestication, soit par nos sélections antérieures (ex.: verger de MEJ; Lamontagne *et al.* 1994) ou par d'autres organisations de recherche, notamment en Europe. Donc, ces éléments génétiques ont déjà bien performé dans des conditions bioclimatiques différentes des tests où nous avons fait nos sélections, ce qui confirme leur plasticité. De plus, 50 MEJ sont issus d'une sélection parmi des provenances et, dans ce cas, nous avons accès seulement au paramètre de la part reproductible. Cela limite également la qualité de l'estimation, puisque les valeurs individuelles des arbres sélectionnés ne peuvent être prises en compte. Il faut également noter que le gain a été estimé avec les dernières années de mesures complètes (ex. : 9 ans après la mise en terre pour BAT00080) et que la sélection a été effectuée plus tard (ex. : 24 ans après la mise en terre pour BAT00080). Ainsi, des AS n'étaient pas parmi les plus performants de leur élément génétique au moment du dernier mesurage (Annexe I), contrairement à leur statut au moment de la sélection. Le gain génétique prédit en hauteur totale de 94 % de la population d'élevage de MEJ, est petit soit 3,3 % 9 ans AMT. Il est encore plus difficile d'estimer correctement le gain génétique prédit de la rectitude du tronc. En effet, la sélection de parents réduit la variance familiale et donc l'estimation de l'héritabilité d'un caractère peut être jusqu'à 50 % inférieure à la valeur réelle (Ponzoni et James 1978). De plus, la variance génétique est dépendante de la fréquence des gènes (Falconer et MacKay 1996). L'héritabilité de la rectitude du tronc est élevée chez le MEJ utilisé comme espèce parentale du MEH (Paques 2004) et possiblement contrôlée par un petit nombre de gènes. Il est donc possible que les sélections antérieures des parents de nos éléments génétiques aient rapidement modifié la fréquence des gènes qui contrôlent ce caractère; diminuant simultanément la variance génétique et la possibilité de gain. Notre capacité limitée à bien estimer les gains génétiques prédits de cette population d'amélioration de MEJ ne limite en rien sa qualité, mais illustre seulement que nos tests et séries de tests n'avaient pas été établis dans cette optique (voir la section 1.3). Il sera probablement difficile d'obtenir une estimation du gain génétique prédit de la rectitude du tronc de la troisième génération, mais en contrepartie il ne sera sans doute plus nécessaire d'améliorer ce caractère.

3.2 Sélection et gain génétique prédit de la population d'élevage de MEE

La population d'élevage de la seconde génération de MEE est constituée d'arbres issus de 42 descendances uniparentales et plus de 85 % des parents de ces dernières ont été domestiqués auparavant par d'autres organisations de recherche et par nous (voir p. 283, Perron 2008). La majorité de ces éléments génétiques provient de la race polonaise, puisque sa croissance est plus performante, ici, comme ailleurs (Paques 2001b). Les gains génétiques prédits (52 AS) en HT et en RT sont respectivement deux fois et six fois plus élevés en comparaison de la population d'élevage de la seconde génération de MEJ, soit 7,9 % en HT et plus de 0,92 de leurs descendants devraient avoir une RT acceptable. L'estimation du gain génétique prédit en croissance de 60 % des MEE retenus est plus fiable que pour le MEJ, puisque 87 et 153 descendances uniparentales ont servi à l'estimation des héritabilités individuelle et familiale. D'ailleurs, les h_i^2 (0,27 et 0,31) et h_f^2 (0,26 et 0,50) de ces deux tests (VRO69384 et LAR84988) sont moyennes pour la HT ce qui est en accord avec les estimations pour d'autres espèces de conifères (Li *et al.* 1993, Weng *et al.* 2007) et pour les arbres forestiers (Cornelius 1994). Des AS du MEE n'étaient pas parmi les individus supérieurs lors de nos derniers mesurages complets contrairement à leurs statuts

au moment de nos sélections (p. ex. : AS 9691, Annexe II). Selon toute vraisemblance, les descendants de l'ensemble de cette population d'élevage de MEE auront une rectitude du tronc acceptable, puisque la sélection a été forte (Annexe II) et que l'héritabilité de ce caractère est élevée pour des MEE utilisés comme parents du MEH (Tableau 4, Pâques 2004). De plus, le taux de rectitude du tronc acceptable était élevé dans la majorité des tests de MEE (5/7) utilisés pour la sélection (Tableau 4). Par exemple, 95 % des arbres du test VRO69384 ont une rectitude du tronc acceptable. Cela illustre bien que ce caractère avait déjà été amélioré par les sélections antérieures. Ici également, le gain génétique prédit moyen n'a pas été estimé pour l'ensemble de la population d'élevage.

3.3 La variété hybride 20-20 de MEH et ses populations de production

Les semences interspécifiques produites par les populations de production de la seconde génération de MEE et de MEJ constitueront la variété hybride 20-20. Cette variété de MEH sera disponible une première fois pour le reboisement environ en 2012. En effet, les parents ont été greffés une première fois à l'hiver 2006 et ces greffes ont débuté leur floraison au printemps 2008 (Michèle Bettez, pépinière de Berthier, MRNF; communication personnelle); et elles auront possiblement une première production effective au printemps 2010. La variété hybride 20-20 sera utilisée environ jusqu'en 2030 (Perron 2008), soit quatre ans après la sélection de la prochaine population de production (troisième génération). La production de semences de cette variété se fera d'après la nouvelle approche de verger sous abri (Colas *et al.* 2008), donc par l'intermédiaire de pollinisation de masse, à l'aide d'un mélange de pollen. Cela a pour but de s'assurer de produire réellement des semences hybrides (meilleure uniformité de la variété) et de maintenir un gain génétique élevé. La pollinisation contrôlée est d'autant plus indiquée, en raison du défi de produire des semences hybrides, comparativement à la reproduction à l'intérieur d'une même espèce. Par exemple pour les *Larix*, Tröber et Haasemann (2000) ont démontré, à l'aide de marqueurs biochimiques de type alloenzymes, que les taux de descendances hybrides d'un verger allemand variaient de 45 à 75 % chez les quatre clones de MEE testés et qu'ils étaient seulement de 38 % pour le clone de MEJ, et ce lors d'une bonne année semencière. Ces faibles taux d'hybridation sont encore plus désolants étant donné le grand soin apporté à la synchronisation de la floraison des cinq clones avant l'établissement du verger. De plus, Burczyk *et al.* (1997) ont observé des résultats similaires dans un verger à graines d'hybridation de *Larix sibirica* (Ledeb.) et de MEE. L'emploi de la pollinisation de masse sera jumelé à la multiplication végétative multifamiliale par bouturage, afin de bénéficier d'une plus grande propagation de cette variété génétiquement supérieure, ainsi que d'une plus grande flexibilité pour répondre à la variation de la demande. D'ailleurs, les mélèzes réagissent bien au bouturage (Verger et Pâques 1993, Tousignant *et al.* 2007). Cette démarche coïncide avec le mode de propagation d'autres hybrides, par exemple celle mise en place pour l'hybride entre *Pinus elliottii* var. *elliottii* et *P. caribaea* var. *hondurensis* (Nikles et Robinson 1989). De plus, cette stratégie de production de semences correspond également à l'une des stratégies suggérées, par Fowler et Loo-Dinkens (1992), dans l'optique de faire face aux changements climatiques présent et à venir, soit la possibilité de faire un changement rapide des populations de production. Rappelons qu'on ne peut pas évaluer directement le gain génétique prédit pour cette variété de MEH, étant donné qu'en aucun temps les AS et leurs parents n'ont été utilisés pour la formation de MEH. De plus, il y a peu d'informations pour faire l'évaluation du rendement en volume marchand des diverses variétés de MEH testées au Québec. En effet, le réseau de plantations comparatives du programme d'amélioration génétique des mélèzes n'a pas été conçu à cette fin, mais bien pour faire la comparaison de divers éléments génétiques (provenance ou descendance). De ce fait, un test est constitué d'un grand nombre d'éléments génétiques et les parcelles y sont donc petites. De plus, une seule série de plantations comparatives (série de tests de 1977-78), formée des mêmes variétés de MEH, est répartie sur un vaste gradient latitudinal (cinq domaines bioclimatiques; Stipanicic 1999).

Les gains génétiques prédits moyens des populations de production de MEJ et de MEE ont été estimés compte tenu que les éléments génétiques et les parents ont été retenus dans les tests dont les paramètres génétiques étaient les plus fiables. De plus, deux parents de la population de production de MEJ sont des arbres-élites pour lesquels les gains génétiques réels sont disponibles.

La population de production de MEJ, de seconde génération, est formée de vingt MEJ qui proviennent de six descendances uniparentales et de huit provenances (Annexe I et Perron 2008) avec un maximum de deux AS par élément génétique.

Le gain génétique prédit en croissance pour les descendants de cette population de production de MEJ est modeste, soit 3,9 % en hauteur totale 10 ans AMT et donc environ 5,5 % en volume marchand à 30 et 45 ans d'âge. Comme mentionné dans les sections précédentes, la croissance en hauteur totale est un caractère dont le contrôle génétique est faible à modéré. Il est donc essentiel d'avoir un grand différentiel de sélection pour obtenir un gain génétique important. Le petit différentiel de sélection observé pour la croissance des MEJ s'explique par la faible variation génétique de la croissance de cette espèce (FOWLER *et al.* 1988, PAQUES 2001a). D'ailleurs, il est fort probable que cette génération de production, soit l'avant-dernière pour le MEJ (PERRON 2008). Bien que le gain génétique prédit en volume marchand soit modeste, les descendants devraient présenter une bonne croissance, puisque la base de comparaison (moyenne pondérée des tests) est élevée, soit environ 9 m^3 ha^{-1} an^{-1} à l'âge de 30 ans, d'après la table de BOLGHARI et BERTRAND 1984. Il s'agit d'un accroissement annuel moyen notable, à cet âge, pour un conifère en plantation au Québec, en comparaison des suivis des effets réels en plantation (PRÉGENT et POLIQUIN 2006). La qualité du bois des descendants de cette population de production de MEJ sera améliorée, d'abord en raison d'une meilleure rectitude du tronc (environ 14 % de gain génétique prédit à 8 ans), et ensuite parce que les branches devraient être plus fines. Il n'est pas possible d'estimer le gain génétique prédit de la grosseur des branches, puisque ce caractère n'a pas été mesuré dans les tests de provenances et de descendances de MEJ qui ont servi à la sélection. Cependant, ce caractère a été grandement pris en compte lors de la sélection massale des MEJ, puisqu'il s'agit d'un défaut de cette espèce parentale du MEH.

Les 20 MEE de la population de production représentent 16 descendances uniparentales issues de 9 provenances (Annexe II et PERRON 2008). Comme pour les MEJ, il y a un maximum de deux AS par élément génétique. Le gain génétique prédit pour la croissance des descendants de ces 20 MEE est moyen, soit environ 9 % en HT à l'âge de 14 ans ce qui génère environ 15 % de gain en VM à 30 et 45 ans d'âge. Ce gain en HT est deux fois plus important que celui des MEJ. Cela s'explique notamment par la plus grande variation génétique de la croissance du MEE (PARK et FOWLER 1983, PAQUES 1996a, PAQUES 1996b). Cela permet d'obtenir un plus grand différentiel de sélection, puisque ce dernier est positivement lié à l'intensité de sélection et à la variance du caractère sélectionné dans les tests (WHITE *et al.* 2007). Comme PERRON (2008) l'a mentionné, le nombre d'éléments génétiques et d'arbres-candidats disponibles des espèces introduites est limité, comparativement à nos espèces indigènes. Cela limite d'autant le nombre d'AS pour une intensité de sélection similaire ($i=1,13 + 0,73*\log(1/k)$; k= la proportion sélectionnée). Par exemple, au Québec en première génération, 280 descendances uniparentales et environ 24 000 arbres-candidats de MEE ont été évalués en tests comparativement à plus de 5700 descendances uniparentales et 450 000 arbres-candidats pour l'épinette noire (Mireille Desponts, DRF, MRNF, communication personnelle), soit respectivement 20 AS et i=3,39 (k= 20/ 24 000 = 0,0008) pour le MEE comparativement à 180 AS et i=3,54 (k= 180/ 372 100 = 0,0005) pour l'épinette noire. Ces 180 épinettes noires sont des parents de la seconde génération (trois zones d'amélioration génétique au Québec et sans les populations de support). La grande majorité (0,93) des descendants de cette population de production devraient avoir une rectitude de tronc acceptable 12 ans AMT.

Un total de 40 parents représentant 30 éléments génétiques serviront à produire la variété hybride 20-20. De ce fait, la diversité génétique de cette variété est largement suffisante, car une population d'élevage de 10 parents devrait contenir environ 95 % de la variance génétique de la population initiale (YANCHUK 2001).

Conclusion

Nous avons la chance d'avoir accès à des plantations comparatives de mélèzes introduits qui sont suffisamment âgées pour constituer les bases génétiques de nos prochaines générations d'amélioration génétique. Par contre, il est difficile de préciser les gains génétiques prédits de notre sélection, en raison du fait que plusieurs de nos plantations comparatives n'avaient pas comme objectifs l'estimation des paramètres génétiques, ainsi que l'établissement et l'évaluation d'arbres-candidats à la sélection. La sélection des MEJ a produit moins de gains génétiques que la sélection des MEE, en raison de la plus faible variation génétique de cette espèce et du plus petit nombre d'éléments génétiques testés. Les populations d'élevage et de production de MEJ et de MEE de la seconde génération permettront d'augmenter le volume et la qualité du bois du mélèze hybride produit au Québec au cours des prochaines décennies (variété hybride 20-20). Le Québec récoltera ainsi le fruit de plus de 30 années d'amélioration génétique des mélèzes par la Direction de la recherche forestière du ministère des Ressources naturelles et de la Faune. Maintenant que nous avons mis en place les populations d'élevage d'espèces pures de MEJ et de MEE améliorées pour la croissance et la qualité de la tige, les caractères qui influencent directement la qualité du bois devraient prendre plus de poids au cours de la sélection des parents lors de l'établissement de la troisième génération.

Références bibliographiques

ACHERÉ, V., P. FAIVRE RAMPANT, L.E. PÂQUES et D. PRAT, 2004. *Chloroplast and mitochondrial molecular tests identify European X Japanese larch hybrids*. Theorical and Applied Genetics 108 : 1643-1649.

BAILEY, J.K., P.P. FERET et D.L. BRAMLETT, 1974. *Crown character differences between well-pruned and poorly-pruned virginia pine trees and their progeny*. Silvae Genetica 23(6) : 181-185.

BASTIEN, J.-C. et R. KELLER, 1980. *Intérêts comparés du mélèze hybride (*Larix x eurolepis *Henry) avec les deux espèces parentes*. Rev. For. Fr. 32(6) : 520-530.

BERGÈS, L. et R. CHEVALIER, 2001. *Les exigences écologiques des mélèzes*. Dans : RIOU-NIVERT, P. (éd.). *Les guides du sylviculteur : Le mélèze*. Institut pour le développement forestier. p. 52-59

BOLGHARI, H.A. et V. BERTRAND, 1984. *Tables préliminaires de production des principales essences résineuses plantées dans la partie centrale du sud du Québec*. Ministère de l'Énergie et des Ressources, Service de la recherche. Mémoire de recherche forestière n° 79. 392 pages.

BOYLE, T.J.B., T.C. NIEMAN, S. MAGNUSSEN et J. VEEN, 1989. *Species, provenance, and progeny tests of the genus* Larix *by the Petawawa national Forestry Institute*. Petawawa National Forestry Institute PI-X-94. 70 p.

BURCZYK, J., T. NIKKANEN et A. LEWANDOWSKI, 1997. *Evidence of an unbalanced mating pattern in a seed orchard composed of two larch species*. Silvae Genetica 46(2-3) : 176-181.

COCHRAN, W.G. et G.M. COX, 1957. *Experimental designs*. John Wiley & Sons, Inc. 617 p.

COLAS, F., M. PERRON, D. TOUSIGNANT, C. PARENT, M. PELLETIER et P. LEMAY, 2008. *A novel approach for the operational production of hybrid larch seeds under northern climatic conditions*. The Forestry Chronicle 84(1) : 95-104.

COMSTOCK, R.E. et R.H. MOLL, 1963. *Genotype-environment interactions*. Dans : HANSON, R.E. et H.F. ROBINSON (éd.). *Statistical genetics and plant breeding*. NAS-NRC Pub. 982, Washington, D.C. p. 169-194.

CORNELIUS, J., 1994. *Heritabilities and additive genetic coefficients of variation in forest trees*. Can. J. For. Res. 24 : 372-379.

DICKERSON, G.E., 1969. *Techniques for research in quantitative animal genetics. Techniques and procedures in animal science research*. American Society of Animal Science, Albany, N.Y. p. 36-79.

DIETERS, M.J., T.L. WHITE, R.C. LITTELL et G.R. HODGE, 1995. *Application of approximative variances of variance components and their ratios in genetic tests*. Theorical and Applied Genetics 91 : 15-24.

EINSPAHR, D.W., T.J. MCDONOUGH et T. JOACHIMIDES, 1983. *Kraft pulping characteristics of European, Japanese and European x Japanese larch hybrids*. Tappi Journal 66(8) : 72-76.

EINSPAHR, D.W., G.W. WYCKOFF et M.H. FISCUS, 1984. *Larch- a fast growing fiber Source the Lake States and Northeast*. Journal of Forestry 82(2) : 104-106.

FALCONER, D.S. et T.F.C. MACKAY, 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Fourth Édition, Pearson Education Limited, Edinburgh. 464 p.

FARRAR, J.L., 1995. *Les arbres du Canada*. Fides-Service canadien des forêts, Montréal. 502 p.

FOWLER, D.P. et J.A. LOO-DINKINS, 1992. *Breeding strategies in changing climate and implications for biodiversity*. The Forestry Chronicle 68(4) : 472-475.

FOWLER, D.P., J.D. SIMPSON, Y.S. PARK et M.H. SCHNEIDER, 1988 *Yield and wood properties of 25-year-old Japanese Larch of diffirent provenance in Eastern Canada*. The Forestry Chronicle : 475-479.

GAGNON, H. et G. NUMAINVILLE, 1991. *Instructions pour la collecte informatisée des données dans les dispositifs*. Document interne du Service de l'amélioration des arbres, Direction de la recherche, Ministère des Forêts, Gouvernement du Québec. 26 p.

GROS-LOUIS, M.C., J. BOUSQUET, L.E. PÂQUES et N. ISABEL, 2005. *Species-diagnotic markers in* Larix *spp. based on RAPDs and nuclear, cpDNA, and mtDNA gene sequences, and their phylogenetic implications*. Tree Genetics & Genomes 1 : 50-63.

HALL, J.P., 1983. *Comparaison of the growth of larch with other conifers on reforested and afforested sites in Newfoundland*. The Forestry Chronicle 59 : 14-16.

HODGE, G.R. et T.L. WHITE, 1992. *Genetic parameter estimates for growth traits at different ages in slash pine and some implications for breeding*. Silvae Genetica 41(4-5) : 252-262.

LACAZE, J.-F. et Y. BIROT, 1974. *Bilan d'une expérience comparative de provenances de mélèzes à l'âge de 13 ans*. Annales des Sciences Forestières 31(3) : 135-159.

LAMONTAGNE, Y., A. STIPANICIC et G. CROOK, 1994. *L'implantation, l'aménagement et l'éclaircie d'un verger à graines clonal de mélèze hybride* (Larix x eurolepis) *dans le canton de Harrington*. Ministère des Ressources naturelles, Direction de la recherche forestière. Note de recherche forestière n° 60. 7 p.

LI, B. et G.W. WYCKOFF, 1994. *Breeding strategies for* Larix decidua, L. leptolepis *and their hybrids in the United States*. Forest Genetics 1(2) : 65-72.

LI, P., J. BEAULIEU, A. CORRIVEAU et J. BOUSQUET, 1993. *Genetic variation in juvenile growth and phenology in a white spruce provenance-progeny test*. Silvæ Genetica 42 : 52-59.

LITTELL, R.C., G.A. MILLIKEN, W.W. STROUP et R.D. WOLFINGER, 1996. *SAS system for mixed models*. SAS Institute, Cary, N.C. 633 p.

MEAD, R., 1990. *The design of experiments: statistical principles for practical applications*. Cambridge University Press. 620 p.

NANSON, A., 1970. *L'héritabilité et le gain d'origine génétique dans quelques types d'expériences*. Silvae Genetica 19(4) : 113-121.

NIKLES, D.G. et M.J. ROBINSON, 1989. *The development of* Pinus *hybrids for operational use in Queensland*. Dans : GIBSON, G.I., A.R. GRIFFIN et A.C. MATHESON (éd.). *Breeding tropical trees: population structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry*. Oxford Forestry Institute, Oxford, UK. p. 272-282.

OSTRY, M.E., P.M. PIJUT et D.D. SKILLING, 1991. *Screening Larch in vitro for resistance to* Mycosphaerella laricina. Plant Disease 75(12) : 1222-1224.

PAQUES, L.E., 2004. *Roles of European and Japanese larch in the genetic control of growth, architecture and wood quality traits in interspecific hybrids* (Larix X eurolepis *Henry*). Annales des sciences forestières 61 : 25-33.

PAQUES, L.E., 2001a. *Genetic control of heartwood content in larch*. Silvae Genetica 50(2) : 69-75.

PAQUES, L.E., 2001b. *Un programme d'amélioration génétique ambitieux*. Dans : RIOU-NIVERT, P. (éd.). *Les guides du sylviculteur Le mélèze*. Institut pour le développement forestier. p. 18-27.

PAQUES, L.E., 1996a. *Variabilité naturelle du mélèze. I. Mélèze d'Europe : bilan de 34 ans de test comparatif de provenances*. Annales des Sciences Forestières 53 : 51-67.

PAQUES, L.E., 1996b. *Variabilité naturelle du mélèze. II. Mélèze du Japon : bilan de 36 ans de test comparatif de provenances*. Annales des Sciences Forestières 53 : 69-78.

PAQUES, L.E., 1989. *A critical review of larch hybridization and its incidence on breeding strategies*. Annales des Sciences Forestières 46 : 141-153.

PARK, Y.S. et D.P. FOWLER, 1983. *A provenance test of Japanese larch in eastern Canada, including comparative data on European larch and tamarack*. Silvae Genetica 32(3-4) : 96-101.

PERRON, M., 2008. *A strategy for the second breeding cycle of* Larix x marschlinsii *in Québec, Canada Including experiments to guide interspecific tree breeding programme*. Silvae Genetica 57(4-5) : 282-291.

PHILIPPE, G. et P. BALDET, 1992. *Mechanized pollen harvesting with a view to hybrid larch seed production*. Annales des Sciences Forestières 49 : 297-303.

PONZONI, R.W. et J.W. JAMES, 1978. *Possible biases in heritability estimates from intraclass correlation*. Theorical and Applied Genetics 53 : 25-27.

PRÉGENT, G. et R. POLIQUIN, 2006. *Bilan du second mesurage de la mesure des effets réels des plantations d'épinettes blanche, noire, rouge, et de Norvège, de mélèze laricin et de pin gris*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction de la recherche forestière. Rapport interne n° 491. 54 p.

ROBBINS, K., 1985. *Risks associated with growing non-native larches in Eastern North America.* Northern Journal of Applied Forestry 2(4) : 101-104.

STIPANICIC, A., 1999. *Les mélèzes laricin et hybrides.* L'amélioration génétique en foresterie : où en sommes-nous? Rivière-du-Loup. p. 77-85.

STIPANICIC, A., 1975. *L'amélioration du genre mélèze (*Larix *sp.) au service de la recherche du ministère des Terres et Forêts.* Ministère des Terres et Forêts, Direction générale des Forêts, Service de la recherche. Mémoire de recherche forestière n° 20. 37 p.

TOUSIGNANT, D. et A. STIPANICIC, 2000. Larix marschlinsii - *Outline data sheet.* Forestry Compendium Global Module. CABI Publishing.

TOUSIGNANT, D., L. TREMBLAY, M. RIOUX, J.-Y. GUAY, A. BONNEAU et C. RIOUX, 2007. *Pépinière de Saint-Modeste.* Dans : BÉLANGER, P., M. PERRON, P. PÉRINET et M. DESPONTS (éd.). Integrated research activities for supply of improved larch to tree planting: tree improvement, floral biology and nurcery production Larix 2007: Symposium international du groupe de travail de l'IUFRO-S2.02.07 (Larch Breeding and Genetic Ressources). Saint-Michel-des-Saints et Québec. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune. Guide des visites de terrain. p. 53-62.

TRÖBER, U. et W. HAASEMANN, 2000. *Pollination effects in a larch hybrid seed orchard.* Forest Genetics 7(1) : 77-82.

VERGER, M. et L. PÂQUES, 1993. *Multiplication végétative du mélèze hybride (*Larix x eurolepis *Henry) par bouturage en vrac.* Annales des Sciences Forestières 50 : 205-215.

VIDAKOVIĆ, M., 1991. *Conifers morphology and variation.* Dans : BREKALO, B. (éd.). GrafiČki Zavod Hrvatske. 754 p.

WENG, Y.H., K.J. TOSH, Y.S. PARK et M.S. FULLARTON, 2007. *Age-related trends in genetic parameters for jack pine and their implications for early selection.* Silvae Genetica 56(5) : 242-252.

WHITE, T.L., W.T. ADAMS et D.B. NEALE, 2007. *Forest Genetics.* CABI Publishing, London, UK. 682 p.

WHITE, T.L. et G.R. HODGE, 1989. *Predicting breeding values with applications in forest tree improvement.* Dans : WHITE, T.L. et G.R. HODGE (éd.). Forestry Sciences. Kluwer Acadamic Publishers, Dordrecht, The Netherlands 33. 367 p.

WRIGHT, J.W., 1976. *Introduction to Forest Genetics.* Academic Press, New York, NY. 463 p.

YANCHUK, A.D., 2001. *A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia.* Can. J. For. Res. 31 : 566-576.

ZOBEL, B. et J. TALBERT, 1991. *Applied forest tree improvement.* Waveland Press Inc. 505 p.

ZOBEL, B.J. et J.B. JETT, 1995. *Genetics of Wood Production.* Dans : *Timell*, T.E. (éd.). Springer Series in Wood Science. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg. 337 p.

Annexe I. Liste des 80 *Larix kaempferi* formant la population d'amélioration de la seconde génération

Série 72- 73 (3 TESTS) *3 AS / 1 prov. / 5 prov.*

BON14073

*AS	PROV.	Origine	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT^2_{15}	$LSMHT_{15}$_P	$TRTAC_{15}$_P
9670	134	Gunma prefecture, Jap.	BON14073	1	3	1070	0	817	0.85
9671	134		BON14073	2	7	1055	1	817	0.85
9672	134		BON14073	2	33	875	0	817	0.85

Série 77-78 (7 TESTS) *2 AS / 1 desc. / 3 desc.*

BON48077

*AS	DESC.	*AS-M	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT_{15}	$LSMHT_{15}$_D	$TRTAC_{15}$_D
9674	556	---	Chatham, Can.	BON48077	2	3	1065	0	895	0.96

MAS49977

*AS	DESC.	*AS-M	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT_{15}	$LSMHT_{15}$_D	$TRTAC_{15}$_D
9634	556	---	Chatham, Can.	MAS49977	4	5	825	1	700	0.75

BAT00080 *47 AS / 11 prov. / 32 prov.*

AS	PROV.	Origine	TEST	BLOC	POS.	HT_{9}	RT_{9}	$LSMHT_{9}$_P	$TRTAC_{9}$_P
9369	7794	verger,	BAT00080	1	2	880	0	829	0.8
9409	7794	Kongenhus Flensborg, Dan.	BAT00080	3	9	820	1	829	0.8
9433	7794		BAT00080	4	7	795	1	829	0.8
9455	7794		BAT00080	5	3	880	0	829	0.8
9477	7794		BAT00080	6	3	930	0	829	0.8
9601	7794		BAT00080	10	3	790	1	829	0.8
9379	7290	plantation, Ross-Shire,	BAT00080	1	3	910	0	809	0.81
9389	7290	Écosse	BAT00080	2	6	885	0	809	0.81
9457	7290		BAT00080	5	5	790	2	809	0.81
2924	7290		BAT00080	6	3	860	0	809	0.81
9511	7290		BAT00080	7	2	790	1	809	0.81
9546	7290		BAT00080	8	4	780	1	809	0.81
9373	8957	verger,	BAT00080	1	1	890	1	804	0.77
9397	8957	Gavnø Lindersvold, Dan.	BAT00080	2	4	835	1	804	0.77
9403	8957		BAT00080	3	3	830	1	804	0.77
9552	8957		BAT00080	8	4	860	1	804	0.77
9580	8957		BAT00080	9	2	835	1	804	0.77

Annexe I (suite). Liste des 80 *Larix kaempferi* formant la population d'amélioration de la seconde génération

9452	7292	Honshu Yatsugata, Jap.	BAT00080	5	6	900	1	789	0.61
5389	7292		BAT00080	7	6	900	1	789	0.61
5236	8952	Hokkaido, Jap.	BAT00080	1	9	845	0	785	0.5
5206	8952		BAT00080	2	4	800	1	785	0.5
9439	8952		BAT00080	4	9	850	1	785	0.5
5397	8952		BAT00080	6	3	800	1	785	0.5
9386	7267	Honshu, Jap.	BAT00080	2	4	840	0	783	0.5
9468	7267		BAT00080	6	5	760	0	783	0.5
9577	7267		BAT00080	9	9	795	1	783	0.5
5365	7267		BAT00080	10	3	645	1	783	0.5
9487	6689	Honshu Naganoken, Jap.	BAT00080	6	1	715	6	783	0.51
5357	6689		BAT00080	10	1	795	1	783	0.51
9396	7795	plantation,	BAT00080	2	2	880	0	782	0.77
9405	7795	Gavno Lindersvold, Dan.	BAT00080	3	4	820	1	782	0.77
9496	7795		BAT00080	6	7	840	0	782	0.77
9556	7795		BAT00080	8	8	785	1	782	0.77
9606	7795		BAT00080	10	3	825	1	782	0.77
9427	8960	1500 m,	BAT00080	4	8	720	0	781	0.7
9499	8960	Nagano prefecture, Jap.	BAT00080	6	9	790	0	781	0.7
5363	8960		BAT00080	10	6	805	2	781	0.7
9618	8960		BAT00080	10	8	680	2	781	0.7
5248	8962	1700 m,	BAT00080	3	3	785	0	779	0.54
5276	8962	Nagano prefecture, Jap.	BAT00080	4	9	765	0	779	0.54
5348	8962		BAT00080	7	1	760	1	779	0.54
5369	8962		BAT00080	9	3	860	1	779	0.54
5292	8962		BAT00080	5	2	860	1	779	0.54
5257	8963	1650 m,	BAT00080	2	4	795	1	778	0.48
5285	8963	Nagano prefecture, Jap.	BAT00080	5	1	785	0	778	0.48
5341	8963		BAT00080	7	9	845	1	778	0.48
9538	8963		BAT00080	8	2	810	1	778	0.48

BAT00080	*24 AS / 9 desc. / 47 desc.*								
"AS"	**DESC.**	**"AS-M**	**Origine-Mère**	**TEST**	**BLOC**	**POS.**	**HT_y**	**RT_y**	**$LSMHT_y$**	**$TRTAC_{y_D}$**
9592	7280	clone 71	Morayshire, Newton,	BAT00080	9	5	885	1	841	0.8
9551	7279	clone 41		BAT00080	8	7	855	1	803	0.75
5203	8927	---	Tokachi Hokkaido	BAT00080	1	2	840	0	802	0.55
5261	8927	---	(origine de Nagano), Jap.	BAT00080	3	3	810	1	802	0.55
5288	8927	---		BAT00080	5	8	840	0	802	0.55

Annexe I (fin). Liste des 80 *Larix kaempferi* formant la population d'amélioration de la seconde génération

9480	8927	---		BAT00080	6	8	830	1	802	0,55
9375	7278	clone 3	Morayshire, Newton,	BAT00080	1	8	795	1	796	0,83
9536	7278	clone 3	Écosse	BAT00080	8	8	780	1	796	0,83
9425	8929	---	Tokachi Hokkaido,	BAT00080	4	3	810	1	793	0,41
9446	8929	---	(origine de Nagano), Jap.	BAT00080	5	10	800	1	793	0,41
9576	8929	---		BAT00080	9	10	920	2	793	0,41
5296	8936	---	Tokachi Hokkaido,	BAT00080	5	7	745	6	791	0,45
5331	8936	---	(origine de Nagano),	BAT00080	6	2	815	2	791	0,45
5372	8936	---		BAT00080	9	8	875	0	791	0,45
5358	8936	---		BAT00080	10	9	825	2	791	0,45
5315	8948	---	Tokachi Hokkaido,	BAT00080	3	5	815	0	785	0,56
9516	8948	---	(origine de Nagano), Jap.	BAT00080	7	1	795	1	785	0,56
5232	8907	---	Tokachi Hokkaido,	BAT00080	1	3	770	1	785	0,54
5316	8907	---	(origine de Nagano), Jap.	BAT00080	3	3	880	5	785	0,54
5266	8907	---		BAT00080	4	6	870	1	785	0,54
2925	8907	---		BAT00080	8	2	870	0	785	0,54
5223	8934	---	Tokachi Hokkaido,	BAT00080	1	3	815	1	782	0,52
5287	8934	---	(origine de Nagano), Jap.	BAT00080	5	7	825	1	782	0,52
5356	8934	---		BAT00080	10	2	825	1	782	0,52

HAR30998	***3 AE / 12 AE***						
***AE ***	**Prov.**	**TEST-AE**	***DESC. /TEST**	**TEST**	**LSMHT10_WD**	**AGC**	**VC**
3672	18A	Verger	15370-15378	HAR30998	860	43	85
3697	18A	d'Harrington	15380	HAR30998	886	70	139
3663	18A		15388	HAR30998	880	64	127

VLL31198	***1 AE / 7 AE***						
***AE**	**DESC.**	**TEST-AE**	***DESC. /TEST**	**TEST**	**$LSMHT_{10}$_D**	**AGC**	**VC**
4924	640	LOT45676	15237	VLL31198	842	74	149

Légende : **#AE** = numéro d'Arbre-élite, **AGC** = aptitude générale à la combinaison, **#AS** = numéro d'Arbre sélectionné, **#AS-M** = numéro d'Arbre sélectionné de la Mère, **IQS** = Indice de Qualité de Station à 25 ans, **$LSMHTM_{9,10 ou 15}$** = Least-Squares Mean Hauteur Totale à 9, 10 ou 15 ans, **$RT_{9 ou 15}$** = Rectitude du Tronc, **$TRTAC_{9, 10, 15}$** = Taux de Rectitude du Tronc Acceptable à 9, 10 ou 15 ans, **VC** = valeur en croisement.

* en gras = les 20 AS formant la population de production.

[#]Voir à la page 15 morphologie : flexuosité dans Gagnon et Numainville 1991 pour plus de détail sur les différents codes.

Perron 2010

Annexe II. Liste des 80 *Larix decidua* formant la population d'amélioration de la seconde génération

Série 74 (2 TEST) ***14 AS / 4 desc. / 36 desc.***

BON28974

#AS	DESC.	#AS-M	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT_{20}	$LSMHT_{15}$_D	$TRTAC_{20}$_D
9694	604	4	Berthierville, Can.	BON28974	10	1	900	0	854	0,86
9691	604	4	Berthierville, Can.	BON28974	7	1	830	0	854	0,86
9693	604	4	Berthierville, Can.	BON28974	9	3	900	0	854	0,86
9689	604	4	Berthierville, Can.	BON28974	4	1	930	0	854	0,86
9698	606	6	Berthierville, Can.	BON28974	13	1	950	0	852	0,97
9685	606	6	Berthierville, Can.	BON28974	2	1	940	0	852	0,97
9695	606	6	Berthierville, Can.	BON28974	11	2	920	0	852	0,97
9697	606	6	Berthierville, Can.	BON28974	12	3	840	0	852	0,97
9687	614	17	Drummondville, Can.	BON28974	4	3	860	0	832	0,63
9696	614	17	Drummondville, Can.	BON28974	12	2	990	1	832	0,63
9692	614	17	Drummondville, Can.	BON28974	8	1	860	0	832	0,63
9690	616	19	Drummondville, Can.	BON28974	5	1	930	1	889	0,6
9686	616	19	Drummondville, Can.	BON28974	3	2	830	0	889	0,6
9688	616	19	Drummondville, Can.	BON28974	4	3	1030	0	889	0,6

Série 77-78 (7 TESTS) ***11 AS / 3 desc. / 8 desc.***

BON48077

#AS	DESC.	#AS-M	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT_{15}	$LSMHT_{15}$_D	$TRTAC_{15}$_D
9679	549	S-7474-378D	2498-57-Blizyn, Pol.	BON48077	3	6	1200	0	939	0,8
9683	549	S-7474-378D	2498-57-Blizyn, Pol.	BON48077	9	6	1000	4	939	0,8
9684	551	—	Kowary-Sniezka, Pol.	BON48077	10	1	1010	1	912	0,79
9678	551	—	Kowary-Sniezka, Pol.	BON48077	2	4	1010	0	912	0,79
9680	558	sud205	Kowary (verger all.)	BON48077	4	1	1020	0	886	0,87
9682	558	sud205	Kowary (verger all.)	BON48077	6	3	950	1	886	0,87
9681	558	sud205	Kowary (verger all.)	BON48077	4	5	890	0	886	0,87

MAS49977

#AS	DESC.	#AS-M	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{15}	RT_{15}	$LSMHT_{15}$_D	$TRTAC_{15}$_D
9633	549	S-7474-378D	2498-57-Blizyn, Pol.	MAS49977	5	5	925	1	727	0,76
9639	549	S-7474-378D	2498-57-Blizyn, Pol.	MAS49977	2	3	975	1	727	0,76
9627	551	—	Kowary-Sniezka, Pol.	MAS49977	6	2	900	1	714	0,72
9629	551	—	Kowary-Sniezka, Pol.	MAS49977	10	6	900	1	714	0,72

Annexe II (suite). Liste des 80 *Larix decidua* formant la population d'amélioration de la seconde génération

VRO69384			*15 AS/ 12 desc. / 87 desc.*							
°AS°	DESC.	°AS-M°	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{16}_R	RT_{16}	LSMHT_{16}_RD	TRTAC_{16}_D
9668	3937	517	2527-58-Schlitz Hessen, All.	VRO69384	10	4	1190	1	1268	0,83
9657	3944	524	2502-58-Farum, Dan.	VRO69384	8	4	1470	1	1227	1
9651	3958	538	2525-58-Rundforbi, Dan.	VRO69384	5	3	1285	4	1191	1
9645	3962	542	2145-58-Krakow, Pol.	VRO69384	2	3	1288	0	1253	1
9647	3962	542	2145-58-Krakow, Pol.	VRO69384	4	4	1376	0	1253	1
9666	3962	542	2145-58-Krakow, Pol.	VRO69384	10	4	1266	1	1253	1
9659	3965	545	2527-58-Schlitz Hessen, All.	VRO69384	8	3	1338	0	1244	0,73
9649	3974	602	2145-58-Krakow, Pol.	VRO69384	1	3	1383	0	1152	1
9653	3984	612	2316-57-Wroclaw, Pol.	VRO69384	6	4	1294	1	1210	1
9662	3984	612	2316-57-Wroclaw, Pol.	VRO69384	9	3	1404	1	1210	1
9648	3986	614	2499-57-Kroscienko, Pol.	VRO69384	11	1	1290	1	1231	1
9667	3987	615	2499-57-Kroscienko, Pol.	VRO69384	10	3	1342	1	1172	0,86
9664	4002	*630*	2501-57-Sckarzysko, Pol.	VRO69384	10	4	1138	1	1284	0,86
9650	4007	635	2498-57-Blizyn, Pol.	VRO69384	5	4	1460	1	1221	1
9658	4015	643	2502-58-Farum, Dan.	VRO69384	8	1	1201	1	1264	1

LAR84988			*33 AS / 20 desc. / 153 desc.*							
°AS°	DESC.	°AS-M°	Origine-Mère	TEST	BLOC	POS.	HT_{10}_W	RT_{10}	LSMHT_{10}_WD	TRTAC_{10}_D
9726	3961	541	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	3	2	1020	0	821	0,5
9729	3961	541	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	5	2	999	0	821	0,5
9730	3961	541	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	5	3	949	1	821	0,5
9725	3968	548	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	4	3	1080	1	768	0,31
9720	3970	550	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	6	2	923	1	821	0,44
9713	3983	611	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	3	3	974	1	851	0,42
9701	3983	611	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	1	4	902	0	851	0,42
9702	3983	611	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	1	2	877	5	851	0,42
9716	6233	513	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	3	2	933	1	800	0,48
9732	6233	513	2145-58-Krakow, Pol.	LAR84988	7	3	899	0	800	0,48
9717	6247	616	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	2	3	902	1	825	0,36
9704	6247	616	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	1	3	894	1	825	0,36
9705	6248	620	2500-57-Grojec, Pol.	LAR84988	1	4	855	1	834	0,42
9719	6248	620	2500-57-Grojec, Pol.	LAR84988	2	2	821	1	834	0,42
9724	6254	628	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	4	1	949	0	790	0,48
9723	6255	*630*	2501-57-Skarzysko, Pol.	LAR84988	6	2	922	1	801	0,52
9718	6257	637	2500-57-Grojec, Pol.	LAR84988	2	4	1020	1	816	0,3
9731	6271	1184	2498-57 ou 2499-57	LAR84988	5	2	800	5	836	0,33
9721	6280	1195	2498-57-Blizyn, Pol.	LAR84988	6	1	976	1	791	0,22

Annexe II (fin). Liste des 80 *Larix decidua* formant la population d'amélioration de la seconde génération

9706	6283	1198	2498-57-Blizyn, Pol.	LAR84988	1	4	890	1	810	0,91
9710	6283	1198	2498-57-Blizyn, Pol.	LAR84988	4	3	886	1	810	0,91
9707	6293	2148	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	6	1	1022	1	790	0,5
9722	6320	2176	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	5	1	947	1	814	0,71
9715	6320	2176	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	4	4	870	1	814	0,71
9709	6320	2176	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	6	4	863	5	814	0,71
9714	6321	2177	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	4	2	984	0	782	0,77
9728	6323	2179	2502-58-Farum, Dan.	LAR84988	5	1	1056	4	758	0,43
9708	6349	2205	2527-58-Schlitz Hessen, All.	LAR84988	6	3	933	1	796	0,44
9711	6366	4551	2501-57-Sckarzysko, Pol.	LAR84988	3	4	956	1	818	0,82
9733	6366	4551	2501-57-Sckarzysko, Pol.	LAR84988	7	2	905	4	818	0,82
9734	6366	4551	2501-57-Sckarzysko, Pol.	LAR84988	7	1	875	4	818	0,82
9703	6366	4551	2501-57-Sckarzysko, Pol.	LAR84988	1	3	867	1	818	0,82
9735	6375	4556	2316-57-Wroclaw, Pol.	LAR84988	7	4	1015	4	783	0,41

LAR85088			***3 AS / 1 desc. / 15 desc.***							
°AS	**DESC.**	**°AS-M**	**Origine-Mère**	**TEST**	**BLOC**	**POS.**	**HT_{10}_R**	**RT_{10}**	**$LSMHT_{10}$_RD**	**$TRTAC_{10}$_D**
9736	6943	158	Wisconsin, É.- U.	LAR85088	2	1	964	4	771	0,88
9737	6943	158	Wisconsin, É.- U.	LAR85088	2	2	934	4	771	0,88
9738	6943	158	Wisconsin, É.- U.	LAR85088	8	3	908	5	771	0,88

VRO85188		***4 CL / 130/ 16 desc.***				
°CL	**DESC.**	**Origine-Mère**	**TEST**	***$LSMHT_{10}$_W***	**$LSMHT_{10}$_WD**	**$TRTAC_{10}$_C**
6133	4009	2500-57-Grojec, Pol.	VRO85188	870	758	50,3
6123	4008	2500-57-Grojec, Pol.	VRO85188	860	755	31
6272	4009	2500-57-Grojec, Pol.	VRO85188	848	758	50,3
6011	3932	2525-58-Rundforbi, Dan.	VRO85188	837	741	76,8

Légende : **#AS** = numéro d'Arbre sélectionné; **#AS-M** = numéro d'Arbre sélectionné de la Mère, **#CL** = numéro de clone; **IQS** = Indice de Qualité de Station à 25 ans; **$LSMHTM_{9,10 \text{ ou } 15}$** = Least-Squares Mean Hauteur Totale à 10 ou 15 ans; **$RT_{10, 15 \text{ ou } 20}$** = Rectitude du Tronc; **$TRTAC_{10, 15 \text{ ou } 20}$** = Taux de Rectitude du Tronc Acceptable à 10, 15 ou 20 ans.

°en gras = les 20 AS formant la population de production.

§en italique (630) représente une seule famille même s'il y a deux numéros de famille. Il s'agit de deux récoltes sur le même AS-M et des AS dans deux tests (VRO69384 et LAR84988).

Les variétés obtenues du programme d'amélioration génétique du mélèze hybride, mené par la Direction de la recherche forestière, sont performantes et bien adaptées à la grande diversité bioclimatique du Québec. Utilisé dans le programme provincial de reboisement, ce matériel permettra d'accroître significativement la production de bois sur des superficies restreintes. Ce mémoire expose les retombées de la première génération d'amélioration génétique des mélèzes introduits au Québec, lesquelles constituent un jalon important du programme.

Ressources naturelles et Faune
Québec

Le papier des pages intérieures de ce Mémoire de recherche forestière est fabriqué à 100% avec des fibres recyclées.